

Rechtsanwaltskanzlei
Dr. Fuellmich

Dr. Fuellmich · Senderstrasse 37 · 37077 Göttingen

Landgericht Berlin
Tegeler Weg 17 - 21

10589 Berlin

per beA

Rechtsanwalt
Dr. Reiner Fuellmich
LL.M. (UCLA) · attorney at law

Vertretungsberechtigt bei allen Gerichten des US-Bundesstaates Kalifornien

Senderstraße 37
37077 Göttingen
Tel.: +49 (0) 551-20 91 20
Fax: +49 (0) 551-20 91 2144
E-Mail: info@fuellmich.com
www.fuellmich.com

Termine nur nach vorheriger Vereinbarung

Ihr Zeichen	Unser Zeichen (stets angeben)	Datum
	Z-99/20-rf/nw	23.11.2020

Neue Bankverbindung:
EthikBank und Volksbank
BIC: GENODEF1ETK
IBAN: DE33 8309 4495 0003 4362 17

Steuernummer: 20/113/07370

Klage

des Dr. med. Wolfgang Wodarg,

– Kläger –

Prozessbevollmächtigte: Rechtsanwälte Dr. Fuellmich & Associates, Senderstrasse 37 in 37077 Göttingen

gegen

1. Philip Kreißel, c/o Volksverpetzer VVP gUG, c/o Anke Meeuw,
2. Volksverpetzer VVP gUG Thomas Laschyk,

– Beklagte –

wegen Unterlassung, Widerruf und Schadensersatz

Vorläufiger Streitwert: 250.000,--

Wir bestellen uns zu Prozessbevollmächtigten des Klägers und werden im Termin zur mündlichen Verhandlung beantragen:

1. Die Beklagten werden verurteilt, es bei Meidung eines für jeden Fall der Zuwiderhandlung festzusetzenden Ordnungsgeldes bis zu

250.000 EUR, ersatzweise Ordnungshaft, oder der Ordnungshaft bis zu sechs Monaten zu unterlassen, sich in Bezug auf den Kläger wörtlich oder sinngemäß - insbesondere auch wie im unter dem 20. März 2020 auf der Internetseite www.volksverpetzer.de mit den Überschriften „Klimaleugner = Coronaleugner" und „Wissenschaftsverachtung für Profit: Das sind die Tricks, auf die ihr achten müsst" veröffentlichten Beitrag geschehen - wie folgt zu äußern und/oder diese Äußerungen zu verbreiten und/oder verbreiten zu lassen:

a) Dr. med. Wolfgang Wodarg steht politisch der AfD (Alternative für Deutschland) nahe;

b) Dr. med. Wolfgang Wodarg leugnet den Einfluss der Menschen auf den globalen Klimawandel;

   Hilfsweise:

   Dr. med. Wolfgang Wodarg ist ein Klimaleugner.

c) Dr. med. Wolfgang Wodarg nimmt für Geld den Tod von Menschen in Kauf;

d) Dr. med. Wolfgang Wodarg bringt für Geld die Menschenleben der verwundbarsten Mitbürger und Mitbürgerinnen in Gefahr;

e) Dr. med. Wolfgang Wodarg vertritt mit seinen Thesen zum Thema Viren oder Epidemien eine Meinung die kein seriöser Wissenschaftler teilt;

   Hilfsweise:

   Dr. med. Wolfgang Wodarg vertritt mit seinen Thesen eine Meinung die kein seriöser Wissenschaftler teilt;

f) Dr. med. Wolfgang Wodarg leidet an Gehirnschwund.

2. Die Beklagten werden verurteilt, es bei Meidung eines für jeden Fall der Zuwiderhandlung festzusetzenden Ordnungsgeldes bis zu 250.000 EUR, ersatzweise Ordnungshaft, oder Ordnungshaft bis zu sechs Monaten zu unterlassen, sich in Bezug auf den Kläger wörtlich oder sinngemäß - insbesondere auch wie im unter dem 04. Oktober 2020 auf der Internetseite www.volksverpetzer.de mit den Überschriften „*So genau sind in Wahrheit PCR-Tests: Ihr Hauptargument widerlegt*" und „*PCR-Tests sind sehr genau – teile diesen Text um die zentralen Lügen der Pandemie-Leugner zu widerlegen.*" Veröffentlichten Beitrag geschehen - wie folgt zu äußern und/oder diese Äußerungen zu verbreiten und/oder verbreiten zu lassen:

   a) Dr. med. Wolfgang Wodarg lügt, wenn er erklärt, dass bei niedriger Prävalenz (der Häufigkeit dieser Krankheit in einer bestimmten Gruppe von Menschen)

von COVID-19 unter den mit einem SARS-CoV-2 PCR-Test getesteten Menschen in Deutschland ein großer Anteil der von Politik und Verwaltung gefällten schwerwiegenden Entscheidungen auf falsch-positiven Testergebnissen beruht;

Hilfsweise:

Dr. med. Wolfgang Wodarg lügt, wenn er erklärt, dass ein großer Anteil von schwerwiegenden Entscheidungen auf falschen Testergebnissen von SARS-CoV-2 PCR-Tests beruht."

Hilfsweise:

Dr. med. Wolfgang Wodarg lügt, wenn er erklärt, dass es sehr wahrscheinlich ist, dass ein großer Anteil von schwerwiegenden Entscheidungen auf falschen PCR-Testergebnissen beruht, dass die Prävalenz von COVID-19 unter den Getesteten in Deutschland nie über 10% lag und sich zuletzt trotz krampfhaft gesteigerter Suche bei 1,7% einpendelte.

b) Dr. med. Wolfgang Wodarg lügt, wenn er erklärt, dass die SARS-CoV-2 PCR-Tests sehr wahrscheinlich oft ein falsch-positives Ergebnis haben;

c) Dr. med. Wolfgang Wodarg lügt, wenn er erklärt, dass SARS-CoV-2 PCR-Tests auch wenn sie positiv sind noch nichts über das Vorhandensein von infektiösen Viren
oder über deren Ursächlichkeit für Krankheitssymptome aussagen;

d) Dr. med . Wolfgang Wodarg lügt, wenn er erklärt, dass (insbesondere) auch bei gesunden Jüngeren und Reiserückkehrern durchgeführte SARS-CoV-2 PCR-Tests zu über einem Prozent falsch-positiver Ergebnisse führen können;

Hilfsweise:

Dr. med. Wolfgang Wodarg lügt, wenn er erklärt, dass SARS-CoV-2 PCR-Tests zu über einem Prozent falsch-positiver Ergebnisse führen können

e) Dr. med . Wolfgang Wodarg behauptet, dass die zahlreichen positiven Ergebnisse von SARS-CoV-2 PCR-Tests im als fehlerhafte Diagnostik infolge von Kreuzreaktionen der Tests mit Rindercoronaviren gelten müssen;

Hilfsweise:

Dr. med. Wolfgang Wodarg behauptet, der Ausbruch von SARS-CoV-2 bei Tönnies wäre irgendwie durch Rinder-Coronaviren fehldiagnostiziert worden.

Hilfsweise:

Dr. med. Wolfgang Wodarg behauptet, dass die vielen SARS-CoV-2-PCR-Positiven auf Schlachthöfen eine Folge von Kreuzreaktionen auf die in der Veterinärmedizin üblichen Corona-Impfungen sind.

f) Die Aussage von Dr. med . Wolfgang Wodarg, dass der im Januar 2020 von Christian Drosten, dem Direktor des Instituts für Virologie der Charité Universitätsmedizin Berlin und anderen entwickelte SARS-CoV-2 PCR-Test nicht oder nicht richtig validiert wurde, ist falsch;

   Hilfsweise:

   Die Aussage von Dr. med. Wolfgang Wodarg, dass SARS-CoV-2 PCR-Tests nicht oder nicht richtig validiert wurde, ist falsch;

   Hilfsweise:

   Dr. med. Wolfgang Wodarg lügt, wenn er sagt, dass der im Januar 2020 von Chris-tian Drosten, dem Direktor des Instituts für Virologie der Charité Universitätsmedizin Berlin, und anderen entwickelte SARS-CoV-2 PCR-Test nicht oder nicht richtig validiert wurde.

3. Es wird festgestellt, dass die Beklagten verpflichtet sind, dem Kläger denjenigen Schaden zu ersetzen, der ihm aus der Verbreitung der im Klageantrag zu 1 und zu 2 genannten Äußerungen entstanden ist und noch entstehen wird.

4. Die Beklagten werden verurteilt an den Kläger eine Geldentschädigung von 50.000 Euro zu zahlen.

5. Die Beklagten haben die Kosten des Rechtsstreits zu tragen.

Weiterhin beantragen wir:

6. Falls kein früher erster Termin zur mündlichen Verhandlung anberaumt wird, für den Fall, dass die Beklagten eine ihnen nach § 276 Abs. 1 ZPO gesetzte Frist versäumen, gemäß § 331 Abs. 3 ZPO durch Versäumnisurteil zu entscheiden;

7. gemäß § 283 ZPO nachzulassen, innerhalb einer vom Gericht zu bestimmenden Frist die Erklärung zu nicht rechtzeitig vor dem Verhandlungstermin mitgeteiltem Vorbringen des Gegners schriftlich nachzureichen;

8. eine vollständige Abschrift des Urteils zu erteilen;

9. für den Fall, dass das Urteil für den Kläger einen vollstreckungsfähigen Inhalt hat, Vollstreckungsklausel zu erteilen;

10. den Zeitpunkt der Zustellung an die Beklagten zu bescheinigen.

Der Antrag auf Widerruf der inkriminierten Äußerung bleibt ausdrücklich vorbehalten.

A. Sachverhalt

Die Parteien streiten darüber, ob die Beklagten den Kläger betreffend diverse vom Kläger getätigte Äußerungen als „Lügner" bezeichnen dürfen. Die umstrittenen Äußerungen beziehen sich auf die Corona-Pandemie, dabei insbesondere auf die Gefährlichkeit des Virus und die Zuverlässigkeit des zur Feststellung von Infektionen verwendeten PCR-Tests.

Der weitergehende, hier nicht entscheidungserhebliche Hintergrund der umstrittenen Äußerungen betrifft den insbesondere vom Erfinder und Leiter der Privatorganisation „Welt Wirtschaftsforum" und vom Microsoft-Gründer Bill Gates seit Jahren insbesondere über das Welt Wirtschaftsforum propagierten, hochumstrittenen sogenannten „Great Reset", welcher einen konzernbetriebenen, weltweiten gesellschaftspolitischen „Neustart" zum Gegenstand hat. Dieselben Personen und Konzerne, welche im Zusammenhang mit diesem sogenannten „Great Reset" in die pharmazeutische und die Tech-Industrie investierten, investierten auch massiv in die sogenannten Leit- oder Mainstream-Medien. Wie sich dieses zu Lasten der bis dahin gewohnten informatorischen Berichterstattung und zu Gunsten eines reinen Haltungsjournalismus ausgewirkt hat und weiter auswirkt, hat Prof. Dr. iur. Martin Schwab von der Universität Bielefeld in einem umfangreichen aktuellen Gutachten für den Kläger mit dem Titel „*Meinungsfreiheit und wissenschaftlicher Diskurs in der Corona-Krise*" dargelegt, in welchem er auch auf die verleumderischen Aktivitäten des „Volksverpetzers" und auf das aus dem Bundesinnenministerium geleakte sogenannte „Panik-Papier" eingeht, welches unter anderem dazu aufruft, insbesondere Kinder dadurch in Panik zu versetzen, daß sie in den Glauben versetzt werden, sie seien für den qualvollen Tod ihrer Eltern oder Großeltern verantwortlich, wenn sie sich nicht an die sogenannten Corona-Regeln halten würden.

Anlage K O (Gutachten Prof. Dr. iur Martin Schwab „Meinungsfreiheit und wissenschaftlicher Diskurs in der Corona-Krise"

Der Unterzeichner nimmt dieses Gutachten vollinhaltlich in Bezug und macht es hiermit zum Gegenstand seines Vortrags.

Der Kläger ist Mediziner (Facharzt für Innere Krankheiten – Pneumologie, Facharzt für Hygiene – Umweltmedizin und Facharzt für Öffentliches Gesundheitswesen – Sozialmedizin) mit langjähriger Berufserfahrung; er leitete unter anderem von 1981 bis 1994 als Amtsarzt das Gesundheitsamt Flensburg. Er führte Lehrveranstaltungen an der Charité in Berlin sowie an weiteren europäischen Hochschulen durch und erhielt 1991 ein Stipendium für Epidemiologie und Gesundheitsökonomie an der Johns-Hopkins Universität in Baltimore, Maryland (USA).

Viele Jahre war der Kläger für die SPD Mitglied des Deutschen Bundestages und als Mitglied der Parlamentarischen Versammlung des Europarates für Fragen der Sicherheit, Medizin und Gesundheit zuständig, heute ist er Ehrenmitglied der Parlamentarischen Versammlung des Europarates. Beim Schweinegrippen-Skandal 2009/2020 war er der Initiator der Untersuchungen des Europarates zur Rolle der Impfstoffhersteller und der WHO. Es war im wesentlichen seinem Engagement zu verdanken, dass die von der WHO – nach Änderung der Definition einer Pandemie – ausgerufene Pandemie schlussendlich als leichte Grippeerkrankung erkannt wurde und die in aller Eile hergestellten und mit bis heute geheim gehaltenen Verträgen von den Regierungen der Welt eingekauften Impfstoffe vernichtet wurden – nicht ohne allerdings bei rund 700 zuvor noch geimpften Kindern in Europa für eine unheilbare, lebenslange Schwerstbehinderung in Form der Narkolepsie gesorgt zu haben.

Der Beklagte zu 1. bezeichnet sich als Datenanalyst und ist Autor der von der Beklagten zu 2. betriebenen Internetseite www.volksverpetzer.de, wo er seit Beginn der Corona-Krise Jedermann, der Fragen betreffend die Corona-Krise und insbesondere die Corona-Maßnahmen stellt, in übelster Weise und unter Nutzung durchweg vorsätzlich falscher Tatsachenbehauptungen herabwürdigt und pauschal als rechtsradikale Verschwörungstheoretiker bezeichnet.

Gegen ebensolche, das Allgemeine Persönlichkeit des Klägers schwer verletzende Äußerungen der Beklagten vom 20.03.20 und vom 04.10.20 wehrt sich der Kläger mit dieser Klage, nachdem ein außergerichtliches Abmahnschreiben ohne Erfolg geblieben und deshalb Klage geboten ist.

Anlage K 1 (außergerichtliches Abmahnschreiben des Klägers vom 03.11.2020)

Im Einzelnen:

I. Wirken des Klägers seit März 2020

Seit Beginn der sogenannten Corona-Krise warnt der Kläger öffentlich unter Hinweis auf zahlreiche wissenschaftliche Veröffentlichungen vor einer – dieses Mal mit Hilfe der umstrittenen PCR-Tests vorangetriebenen - Neuauflage der damals (2009/2010) von der pharmazeutischen Industrie inszenierten Schweinegrippen-„Pandemie“. Dabei stützt er sich auf Stellungnahmen hochangesehener Wissenschaftler, darunter Prof. John Ioannidis (einer der meistzitierten Wissenschaftler der Welt) und Prof. Michael Levitt (Nobelpreisträger für Chemie), beide von der Stanford Universität, sowie Stellungnahmen der deutschen Wissenschaftler Prof. Dr. Bhakdi, Prof. Dr. Ulrike Kämmerer, Prof. Dr. Karin Mölling, Prof. Dr. Ulrike Kämmerer, Dr. Knut Wittkowski, aber auch des früheren Pfizer Vize-Präsidenten und Chief Science Officers Dr. Mike Yeadon und zuletzt des CEO eines kanadischen PCR-Test Produzenten und Chairman of the Royal College of Physicians of Canada Examination Committee of Pathology in Ottawa, Dr Roger Hodgkinson. Und er stützt sich auf eine aktuelle Entscheidung eines portugiesischen Berufungsgerichts vom 11.11.2020, welches die

völlige Ungeeignetheit von PCR-Tests zur Feststellung von Infektionen mit Covid 19 feststellt.

Der Kläger warnt davor, dass erneut wie schon bei der Schweinegrippe - jetzt von der pharmazeutischen und der Tech-Industrie und deren Investoren (mit Unterstützung der sogenannten Leitmedien, in welche diese Investoren ebenfalls erhebliche Geldsummen investiert haben) - eine normale Grippewelle zu einer Pandemie aufgeblasen wird, dieses Mal zum Nutzen der pharmazeutischen und der Tech-Industrie und deren Hintermänner. Er weist daraufhin, dass

- selbst die WHO in der Zwischenzeit in Übereinstimmung mit von Prof. Ioannidis durchgeführten Studien festgestellt hat, dass die Gefährlichkeit der durch das Corona Virus ausgelösten Covid 19 Erkrankung mit einer Mortalität (Infektion-Fatality Rate) von 0,14% derjenigen einer normalen Grippe entspricht;

- es entgegen anderslautenden Behauptungen keine asymptomatischen Infektionen gibt (also nicht jeder gesunde, symptomlose Mensch eine potentielle Gefahr für Jedermann darstellt); und

- die von der WHO weltweit empfohlenen und deshalb weltweit vermarkteten sogenannten Drosten-PCR-Tests entgegen anderslautenden Behauptungen weder für diagnostische Zwecke zugelassen sind, noch auch nur ansatzweise in der Lage sind, irgendwelche Aussagen über Infektionen zu treffen; vielmehr sind mindestens 97% aller positiven Ergebnisse aus diesen Tests falsch-positiv, wie zuletzt Dr. Mike Yeadon in mehreren Veröffentlichungen und am 13.11.2020 vor dem Berliner Corona-Ausschuss, öffentlich erklärte.

II. Beitrag der Beklagten vom 20. März 2020

Die Beklagten veröffentlichte unter dem 20. März 2020 auf der Internetseite www.volksverpetzer.de (nachfolgend manchmal auch nur „Internetseite" genannt) einen Artikel mit den Überschriften „*Klimaleugner = Coronaleugner*" und „*Wissenschaftsverachtung für Profit: Das sind die Tricks, auf die ihr achten müsst*".

Anlage K 2 (Artikel auf der Internetseite www.volksverpetzer.de mit den Überschriften „*Klimaleugner = Coronaleugner*" und „*Wissenschaftsverachtung für Profit: Das sind die Tricks, auf die ihr achten müsst*")

Der genannte Artikel enthält zahlreiche die Ehre und die Kreditwürdigkeit des Klägers verletzende unwahre Behauptungen der Beklagten.

1. Klageantrag zu 1 a (angebliche Nähe zur AfD)

Zu Beginn des Artikels findet sich ein aus mehreren Elementen bestehendes Bild auf welchem der Kläger zu sehen ist. Links und rechts neben dem Abbild des Klägers ist jeweils ein Beitrag platziert, der dem Aussehen nach aus einem sozialen Netzwerk (Twitter oder Facebook) stammt. Der rechts neben dem Abbild des Klägers zu sehende Beitrag („*Man*

weiß gar nicht mehr was man glauben soll oder nicht..") stammt nicht vom Kläger. Der links neben dem Abbild des Klägers zu sehende, nicht von diesem stammende Beitrag liest sich wie folgt:

> *„AfD-Freunde Deutschland: Ich glaube nicht mehr an den Coronavirus demnächst kommt was".*

Bei lebensnaher Betrachtung liegt es auf der Hand, dass Leser/Betrachter dieses Bereiches des Artikels den Eindruck gewinnen durften und sollten, dass die Beklagten dem Kläger eine Nähe zur AfD unterstellt.

Das ist tatsächlich nicht der Fall:

Der genannte Beitrag stammt nicht vom Kläger. Er hat ihn auch nicht in Auftrag gegeben. Der Kläger ist weder Mitglied der AfD, noch steht er ihr oder den von ihr vertretenen Positionen in irgendeiner Art und Weise politisch oder in sonstiger Weise nahe. Der Kläger ist (siehe oben) Internist, Pneumologe, Sozialmediziner, Arzt für Hygiene und Umweltmedizin und war langjähriger Leiter eines Gesundheitsamtes. Jetzt arbeitet er der Kläger als Hochschullehrer in Berlin und Flensburg sowie ehrenamtlich unter anderem bei Transparency International Deutschland. Der Kläger ist seit 1988 Mitglied der SPD. Der Kläger zog 1994 über die Landesliste Schleswig-Holstein und danach stets als direkt gewählter Abgeordneter des Wahlkreises Flensburg-Schleswig in den Bundestag ein. Als Mitglied des Deutschen Bundestages war der Kläger von 1999 bis 2005 in der 14. und 15. Legislaturperiode Sprecher der SPD-Bundestagsfraktion in der Enquête-Kommission Recht und Ethik (bis 2002) beziehungsweise Ethik und Recht der modernen Medizin und verfasste Berichte zu den Themen Patientenverfügung, Organlebendspende, ethische Prinzipien der medizinischen Versorgung (Allokations-Ethik), Priorisierung im Gesundheitswesen, Gen-Diagnostik, ethische Fragen der Medizin am Lebensanfang, am Lebensende und in der Forschung, Patentierung von Genen, Lebewesen oder deren Teilen, Kommerzialisierung der Organ- und Gewebespenden.

2. Klageantrag zu 1 b (angebliche „Klimaleugnung")

Im unteren Drittel des Bildes zu Beginn des Artikels findet sich die Überschrift „*Klimaleugner = Coronaleugner*".

Bei lebensnaher Betrachtung liegt es auf der Hand, dass Leser/Betrachter dieses Bereiches des Artikels den Eindruck gewinnen durften und sollten, dass der Kläger den Einfluss des Menschen auf den globalen Klimawandel leugnet - also ein „Klimaleugner" ist.

Das ist nicht der Fall, und auch diese falsche Behauptung wird dementsprechend durch nichts gestützt.

3. Klageantrag zu 1 c und d (behauptete Gefährdung von Menschen für Geld)

Die Behauptung der Beklagten, der Kläger nehme für Geld den Tod von Menschen in Kauf, bzw. der Kläger bringe für Geld die Menschenleben der verwundbarsten Mitbürger und Mitbürgerinnen in Gefahr ist ebenfalls falsch und wird dementsprechend durch nichts

gestützt. Vorsorglich setzt sich der Kläger aber mit den insoweit entscheidenden Textpassagen der Beklagten und den darin von ihm in Bezug genommenen Äußerungen des Klägers auseinander:

a.

Der Abschnitt des Artikels, welcher sich (neben der Anfangsbildmontage) gezielt mit dem Kläger befasst, beginnt unten auf Seite 5 mit der Zwischenüberschrift *„FÜR GELD DEN TOD VON MENSCHEN IN KAUF NEHMEN“*. Danach schreiben die Beklagten:

> *„Ein Beispiel ist das mittlerweile von vielen Seiten (Quelle, Quelle, Quelle, Quelle, Quelle) widerlegte Video von Wolfgang Wodarg, der trotz tausenden Toten in Italien immer noch behauptet, das Virus wäre nicht gefährlicher als die Grippe. In seiner Argumentation werden gleich drei der eben genannten Narrative von Wissenschafts-Leugnern verwendet:*
>
> *Falsche Experten:*
> *Wodarg hat offenbar noch nie zum Thema Viren oder Epidemien geforscht, geschweige denn etwas dazu veröffentlicht, er vertritt mit seinen Thesen eine Meinung, die kein seriöser Wissenschaftler teilt. (Quelle)*
>
> *Rosinenpickerei:*
> *Wodarg nimmt sich ausschließlich Informationen, die COVID-19 verharmlosen, er stellt es so dar, als wären alle Coronaviren gleichermaßen harmlos und ignoriert völlig die extrem tödlichen Ausbrüche der Coronaviren SARS und MERS und die aktuellen Toten in Italien und Wuhan und das exponentielle Wachstum der Todesfälle.*
>
> *Verschwörung:*
> *Wodarg behauptet, dass es die Epidemie gar nicht gäbe. Das kann man natürlich nur erklären, wenn man davon ausgeht, dass alle Staaten und Wissenschaftler der Welt korrupt und gekauft sind und aus irgendeinem Grund alle Bock auf Lockdown haben, wobei sich dann natürlich die Frage stellt, warum die angeblich so mächtigen Illuminaten/Bilderberger wer-auch-immer Wodarg frei rumlaufen lassen, wo er ihnen doch so offen widerspricht.*
>
> *RECHTSEXTREME TEILEN WODARG*
> *Sein Video wird vor allem in rechtsextremen Gruppen oder von rechtsextremen Blogs geteilt, wie Journalistenwatch (Quelle) wird vom US-Thinktank Middle East Forum finanziert (Quelle), der Verschwörungsplattform KenFM oder die rechte Fake News-Plattform “uncutnews” aus der Schweiz (Quelle). Auch das vom Verfassungsschutz beobachtete (Quelle) rechtsextreme Compact-Magazin empfiehlt seinen Leser*innen das Video.*
>
> *Und wofür das alles? Mit seinem Video sammelt Wodarg Geld für eine Crowdfunding Kampagne über die Plattform Indiegogo, die bereits 21.000 € eingenommen hat (Quelle).*

*Für Geld Menschenleben unserer verwundbarsten Mitbürger*innen in Gefahrbringen? Sicher, dass Corona nicht auch Gehirnschwund als Nebenwirkung haben könnte?"*

b. „Frontal 21"-Beitrag vom 10. März 2020

Die Beklagten beziehen sich in ihrem Artikel offenbar auf den im ZDF unter dem 10. März 2020 im Rahmen der Sendung „Frontal 21" ausgestrahlten Beitrag „*Corona und die Folgen - Zwischen Panik und Pandemie*", welcher unter dem Link

https://www.zdf.de/politik/frontal-21/corona-zwischen-panik-und-pandemie-100.html

aus der Mediathek des ZDF abrufbar ist. In dem Beitrag kommt der Kläger wie folgt zu Wort:

aa. Minute 02:03 - 02:21 und 02:22 bis 02:41

Sprecherin:

> *„Rückblick: Schon 2009 gab es eine ähnliche Aufregung bei der Schweinegrippe. Die vermeintliche Pandemie erwies sich schnell als relativ harmlos verlaufende Grippewelle. Dr. Wolfgang Wodarg war damals Vorsitzender des EU-Gesundheitsausschusses. Er hält die Reaktionen der Bundesregierung jetzt für übertrieben."*

Kläger:

> *„Mich ärgert, dass jetzt so viele Menschen darunter leiden müssen, unter dieser Panik die gemacht wird. Das unnötig Menschen in Quarantäne gebracht werden, das wichtige Veranstaltungen abgesagt werden, dass Menschen wirtschaftlichen und persönlichen Schaden nehmen – ohne dass das medizinisch wirklich begründbar wäre und haltbar wäre".*

bb. Minute 02:42 - 03:04 und 03:05 bis 03:31

Sprecherin:

> *"Experten ist das Coronavirus schon lange bekannt. In einer Studie im schottischen Glasgow habe Wissenschaftler in einem Zeitraum von 2005 bis 2013 die Viren untersucht die Atemwegserkrankungen verursachen. Unter den Haupterregern ist das Coronavirus. Es verursacht bis zu 15 Prozent der Lungenkrankheiten."*

Kläger:

> *„Wir wissen seit Jahrzehnten dass es Coronaviren gibt. Die Tierärzte impfen Hunde gegen Coronaviren. Wir wissen das Schweine Coronaviren haben. Das andere Tiere in unsere Umgebung Coronaviren haben. Und wir wissen auch, dass Menschen schon lange immer Coronaviren haben und das sie daran erkranken. Wir haben bisher die Coronaviren nur nicht wichtig genommen, wir haben nicht danach gesucht - wir haben sie einfach vergessen."*

cc. Minute 03:32 - 04:06 und 04:07 bis 04:16

Sprecherin:

> *"COVID-19 ist nur eine neue Variante der Coronaviren. Dass sich Viren verändern, ist für Experten nicht neu. So grassieren jedes Jahr in der Grippesaison andere Viren. Professor Tom Jefferson ist Epidemiologe, forscht für das Cochrane Institut, eines der angesehensten unabhängigen medizinischen Forschungsinstitute weltweit. Wir erreichen ihn via Skype."*

Stimme Synchronübersetzer (Professor Tom Jefferson - Epidemiologe):

> *"Ich kann hier nicht Besonderes erkennen - außer der Tatsache das es ein neuartiger Virus ist. Es ist wie ein neues Automodell - aber es ist eben immer noch ein Kleinwagen."*

Kläger:

> *"Es ist also nichts Besonderes das es jetzt neue Coronaviren gibt. Das heißt aber nicht das diese Coronaviren gefährlicher sind als andere."*

Keine dieser Äußerungen belegt die Behauptungen der Beklagten, der Kläger würde für Geld den Tod von Menschen in Kauf nehmen, beziehungsweise der Kläger bringe für Geld die Menschenleben der verwundbarsten Mitbürger und Mitbürgerinnen in Gefahr. Im Gegenteil sorgt sich der Kläger, dass ohne jede medizinische Evidenz die Corona-Maßnahmen Menschen gesundheitlich und wirtschaftlich schweren Schaden zufügen – genau wie dies (wenngleich in nicht ansatzweise so schwerwiegender Form) bereits bei der inszenierten „Schweinegrippe" der Fall war.

Dass der Kläger mit dieser Einschätzung richtig liegt, hat auch ein für die Risikoanalyse bei Notlagen verantwortlicher Mitarbeiter im Bundesinnenministerium namens Stephan Kohn in seiner inzwischen als Fehlalarm-Papier bezeichneten Ausarbeitung aus dem Mai detailliert begründet, welches übergeben wird als

Anlage K 3 (sogenannte „Fehlalarmpapier" des Bundesministeriums des Inneren)

Der Kläger macht sich den Inhalt des Papiers betreffend die Maßnahmen-induzierten Schäden zu eigen und trägt ihn hiermit vollinhaltlich vor, insbesondere

- zum steilen Anstieg der Suizide,
- zum steilen Anstieg der Fälle häuslicher Gewalt, aber auch
- zu den Gesundheitsschäden wegen nicht durchgeführter Vorbeugemaßnahmen, Reha-Maßnahmen und
- zu den Gesundheitsschäden wegen nicht durchgeführter Operationen, sowie

- zu den wirtschaftlichen Folgen wegen zerstörter Unternehmen insbesondere aus dem Bereich der Gastronomie und der Hotellerie.

Selbst die WHO sieht dies in der Zwischenzeit – nachdem das katastrophale Ausmaß der Maßnahmen-induzierten Schäden immer offensichtlicher geworden ist - so, wie unter anderem eine Veröffentlichung vom 14.10.2020 belegt, mit dem Titel *„Coronavirus: WHO joins the Great Barrington Declaration by condemning lockdowns"*.

Anlage K 4 (Veröffentlichung *„Coronavirus: WHO joins the Great Barrington Declaration bcondemning lockdowns"* vom 14.10.20)

Dort wird Dr. David Nabarro von der WHO auf der ersten Seite wie folgt zitiert:

> *„Lockdowns just have one consequence that you must never ever belittle, and that is making poor people an awful lot poorer"*
>
> Übersetzung:
>
> *„Lockdowns haben nur eine Konsequenz, die man niemals verniedlichen darf, und das ist, dass sie arme Menschen noch schrecklich ärmer machen"*

Auf der zweiten Seite in der Mitte des Textes wird Dr. Nabarro wie folgt zitiert:

> *„Look what´s happened to smallholder farmers all over the world.... Look what´s happening to poverty levels. It seems that we may well have a doubling of world poverty next year. We may well have at least a doubling of child malnutrition."*
>
> Übersetzung:
>
> *Sehen Sie was mit den Kleinbauern überall auf der Welt geschieht. ... Sehen Sie, was mit den Armutsschwellen geschieht. Es scheint, als werden wir eine Verdoppelung der Weltarmut bis zum nächsten Jahr haben. Wir können mindestens eine Verdoppelung der Kinderunterernährung haben."*

Und unten auf derselben Seite wird Dr. Nabarro wie folgt zitiert:

> *„And so, we really do appeal to all world leaders: stop using lockdown as your primary control method."*
>
> Übersetzung:
>
> *„Und deshalb appellieren wir an die Weltführer: hören Sie auf damit, Lockdowns als Hauptkontrollmechanismus zu benutzen".*

Auf der darauf folgenden Seite oben heißt es mit Blick auf die (überwiegend aus Medizinern bestehenden) Unterzeichner der sogenannten Great Barrington Declaration:

> *„His message came timely. In a world first, a number of health experts from all over the world came together calling for an end to coronavirus lockdowns earlier this*

week. They created a petition, called the "Great Barrington Declaration", which said that lockdowns were doing "irreparable damage"......Current lockdown policies are producing devastating effects on short and long term public health." **Übersetzung:** *Seine Botschaft kam zur rechten Zeit. Erstmals kam auf der Welt eine große Anzahl von Gesundheitsexperten zusammen und rief Anfang der Woche dazu auf, die Coronavirus Lockdowns zu beenden. Sie verfassten eine Petition mit dem Namen „Great Barrington Declaration", welche aussagt, dass Lockdowns irreparable Schäden anrichten...... Die gegenwärtige Lockdown-Politik produziert verheerende Folgen für die kurzfristige und langfristige öffentliche Gesundheit."*

Und unten auf derselben Seite heißt es wiederum betreffend Dr. Nabarro von der WHO:

„When asked about the petition, Dr. Nabarro had only good things to say. "Really important point by Professor Gupta."

Übersetzung:

Als Dr. Nabarro wegen der Petition gefragt wurde, hatte er nur gute Dinge zu sagen. „Ein wirklich wichtiger Punkt, den Professor Gupta da gemacht hat", sagte er."

Der Titel eines bereits im April 2020 von AFP lautet „UNO warnt wegen Corona-Maßnahmen vor «Menschenrechtskatastrophe»". Er ist abrufbar unter dem Link:

https://www.nau.ch/news/europa/uno-warnt-angesichts-von-corona-massnahmen-vor-menschenrechtskatastrophe-65699148

Dort heißt es:

„Die UNO hat angesichts von Einschränkungen demokratischer Rechte wegen der Corona-Pandemie vor einer «Menschenrechtskatastrophe» gewarnt.

Das Wichtigste in Kürze:

- *Die Uno befürchtet eine «Menschenrechtskatastrophe» wegen der Corona-Pandemie.*
- *Grund zur Sorge seien die Einschränkungen demokratischer Rechte.*
- *UN-Menschenrechtskommissarin Michelle Bachelet fordert Einhaltung der Rechtsstaatlichkeit.*

UN-Menschenrechtskommissarin Michelle Bachelet hat angesichts von Einschränkungen demokratischer Rechte wegen der Corona-Pandemie vor einer «Menschenrechtskatastrophe» gewarnt. Bachelet fordert Einhaltung der Rechtsstaatlichkeit.

Regierungen dürften Notstandsgesetze nicht «als Waffe einsetzen, um die Opposition zum Schweigen zu bringen, die Bevölkerung zu kontrollieren oder gar an der Macht zu bleiben», erklärte Bachelet am Montag. Sie appellierte an Regierungen weltweit, die Rechtsstaatlichkeit auch in der Krise zu achten, insbesondere durch eine zeitliche Begrenzung der Corona-Maßnahmen.

Es sei selbstverständlich, dass Staaten zur Bewältigung der Krise zusätzliche Befugnisse benötigten, betonte Bachelet. «Wenn aber die Rechtsstaatlichkeit nicht respektiert wird, droht der Gesundheitsnotstand zu einer Menschenrechtskatastrophe zu werden, deren negative Auswirkungen die der Pandemie selbst längst übertreffen werden», warnte sie.

Maßnahmen sollen «verhältnismäßig und zeitlich begrenzt» sein

Die von Regierungen weltweit verhängten Einschränkungen wegen der Pandemie müssten «verhältnismäßig, nicht diskriminierend und zeitlich begrenzt» sein sowie «einer angemessenen parlamentarischen, gerichtlichen und öffentlichen Kontrolle unterliegen», forderte Bachelet.

Die Menschenrechtskommissarin kritisierte Maßnahmen und Gesetze in einigen Ländern, die sich auf «vage definierte Straftaten beziehen, die manchmal mit schweren Strafen geahndet werden». Auch könnten die Maßnahmen missbraucht werden, um «Medien einen Maulkorb anzulegen sowie Kritiker und Gegner festzuhalten».

Maßnahmen werden mit Gewalt durchgesetzt

Die Menschenrechtskommissarin berief sich auf «eine Reihe von Berichten» aus aller Welt, wonach Polizei und andere Sicherheitskräfte in einigen Ländern teils massive oder sogar tödliche Gewalt anwandten, um Corona-Maßnahmen und Ausgangssperren durchzusetzen.

Diese Verstöße seien in vielen Fällen «gegen Menschen aus den ärmsten und verwundbarsten Teilen der Bevölkerung begangen» worden, erklärte Bachelet. «In einigen Fällen sterben Menschen wegen der unangemessenen Anwendung der Maßnahmen, die eingeführt wurden, um sie zu schützen.»

Die ehemalige chilenische Präsidentin prangerte zudem die Festnahme tausender Menschen aufgrund von Verstößen gegen die Corona-Maßnahmen an und bezeichnete dies angesichts überfüllter Gefängnisse als «unnötig und gefährlich».

b. Youtube-Video „*How Dr. Wolfgang Wodarg sees the current Corona pandemic*“

Die Beklagten beziehen sich insoweit aber offenbar auch auf das bei youtube.com im Kanal der Unternehmensgruppe OVALmedia unter dem folgenden Link veröffentliche Video des Klägers mit dem Titel „*How Dr. Wolfgang Wodarg sees the current Corona pandemic*“

https://www.youtube.com/watch?v=p_AyuhbnPOI&feature=emb_logo

Die Passagen, auf welche sich die Beklagten sich offenbar beziehen, sind nachfolgend wiedergegeben.

aa. Minute 01:13 bis 02:09

„Aber es hat Untersuchungen gegeben - sehr schöne Untersuchungen über mehrere Jahre in Glasgow. Da hat man mal versucht mit den Tests die es gab - das heißt

man hat nicht alle hundert untersucht, sondern man hat nur die untersucht für die es Tests gab - und da hat man 10 verschiedene oder 8 verschiedene Viren dann beobachtet und da waren immer Coronaviren dabei. Das jetzt sind hier die Zahlen aus Glasgow. Da hat man von 2005 bis 2013 hat man geguckt welche Erreger kommen da vor bei akuten Atemwegserkrankungen. Und da sieht man diese bunten Säulen das sind jeweils die Erreger. Und das Grüne, im grünen Bereich dort sind immer die Coronaviren dabei gewesen, in jedem Jahr. Und die hatten - die haben immer so einen Prozentsatz von, ja 7 bis 15 Prozent, 5 bis 14 %, schwankt so ein bischen. Es ist also normal das da immer ein großer Anteil auch Coronaviren dabei sind.“

bb. Minute03:56- 06:06

„Das kann er nur erkennen an weiteren epidemiologischen Daten, das heißt wenn man beobachtet wie krank sind die Leute. Wie schnell werden sie wieder gesund? Sterben mehr als früher? Das heißt hier ist es ganz wichtig um das zu beurteilen das man die Daten aus den Vorjahren heranzieht. Das man vergleicht, dass man die Mortalitätsdaten sich anguckt; wie ist es - wieviel Leute sind an Viruserkrankungen gestorben?

Jetzt wenn ich nachgucken will, wenn ich einen bestimmten Erreger suche, wenn ich also nach zum Beispiel nach Coronaviren suche, dann kann ich untersuchen in der Gesamtbevölkerung. Und da werde ich wahrscheinlich so um die, na 10 Prozent in der Grippewelle werden so jetzt im Moment gerade etwas 8 bis 10 % der Bevölkerung, da wird irgendein Virus zu finden sein, da wird irgendwas sein was sie gerade so ein bischen krank oder ein bischen mehr krank macht.

Wenn ich allerdings in die Arztpraxen gehe und da jetzt ein bischen gucke wieviel Leute haben das findet man natürlich viel mehr positive Fälle. Und wenn ich jetzt in Krankenhaus gehe und bei denen jetzt eine Probe nimmt auf Coronaviren, den Test macht, dann wird man bei noch mehr Menschen eine Coronainfektion finden.

Das heißt je nachdem welche Anteile der Bevölkerung ich untersuche - die Normalbevölkerung, die Leute im Wartezimmer von Ärzten, die Leute in der Klinik- oder wenn ich das untersuche bei Menschen die sterben, die sehr, sehr krank sind auf der Intensivstation, dann werde ich immer - das ist zu erwarten - immer diese 7 bis 15 Prozent dabei auch Coronaviren finden.

Ob sie daran sterben oder ob sie an anderen Erregern sterben und das Coronavirus nur dabei ist kann ich damit noch nicht sagen. Das heißt wenn ich jetzt in Italien gucke - 'Oh die sterben alle!' - dann möchte ich wissen wo sind die Tests genommen worden. Wie hat man die wenigen Tests die zur Verfügung stehen ... wo hat man sie benutzt. Wenn man sie im Krankenhaus benutzt hat - bei Schwerkranken, bei Sterbenskranken - dann steigt natürlich die Todesrate an Corona ... weil das so aussieht einfach nur, weil man da hingeguckt hat".

cc. Minute 06:08 - 07:38

„Also, Mortalität, krankheitsspezifische Mortalität - das heißt wenn jemand eine definierte Krankheit hat, wieviel Prozent sterben dann davon - dann an dieser Krankheit. Und wir haben bei der akuten Atemwegserkrankung, der saisonalen akuten Atemwegserkrankung, die wir im Volksmund Grippe nennen, haben wir eine Mortalität normalerweise von 0.1 Prozent - das ist schon die Obergrenze eigentlich. Das heißt es sterben einer auf 1000. Von 1000 Einwohnern stirbt einer an Grippe. Jeden Winter.

Und da müssen wir jetzt nachgucken ist das mehr oder ist das nicht mehr durch Coronaviren. Und das kann man jetzt so machen wenn in Deutschland, wenn in Deutschland zum Beispiel 20.000 oder 30.000 Menschen - das ist so das was man annimmt - mehr sterben durch diese Grippe als üblicherweise ohne die Grippe sterben würden. Das nennt man Übersterblichkeit. So jetzt haben wir, wissen wir das die Coronaviren immer ungefähr 5 bis 14 Prozent ausmachen, sagen wir mal um die 10 Prozent - ist einfacher zu rechnen.

Nehmen wir an, wir hätten die vergangenen Jahre im Krankenhaus die schwer kranken Menschen dort untersucht mit einem Test auf Coronaviren - das ist natürlich nicht geschehen; dann hätten wir in den vergangenen Jahren damit rechnen müssen, immer zwei- bis dreitausend Menschen die sterben an Atemwegserkrankungen gefunden zu haben bei denen auch Coronaviren nachweisbar waren. Und da sind wir ja jetzt noch weit von weg.“

Auch keine dieser Äußerungen belegt die Behauptungen der Beklagten, der Kläger nehme für Geld den Tod von Menschen in Kauf, bzw. der Kläger bringe für Geld die Menschenleben der verwundbarsten Mitbürger und Mitbürgerinnen in Gefahr. Im Gegenteil sorgt sich der Kläger (genau wie die eingangs der Klage in Bezug genommenen Wissenschaftler), dass ohne jede medizinische Evidenz die Corona-Maßnahmen Menschen gesundheitlich und wirtschaftlich schwerste Schäden zufügen – genau wie dies (wenngleich in nicht ansatzweise so schwerwiegender Form) bereits bei der – nachgewiesenermaßen - als Pandemie inszenierten Schweinegrippe der Fall war.

Vielmehr ist in der Wissenschaft völlig unstreitig, dass bei jeder Grippewelle auch Coronaviren dabei sind, mal mehr, mal weniger. Und sogar die WHO hat sich inzwischen der auf diversen Studien beruhenden Einschätzung des Prof. Dr. John Ioannidis angeschlossen, wonach auch das aktuelle Corona-Virus in seiner Gefährlichkeit/Mortalität derjenigen einer normalen Grippewelle entspricht (s.o.). Eine Veröffentlichung des Off Guardian vom 08.10.20 von Kit Knightly mit dem Titel "*WHO (Accidentally) Confirms Covid is No More Dangerous Than Flu - Head of Health Emergencies Program 'best estimates' put IFR at 0.14%*" (= "*WHO bestätigt [versehentlich] dass Covid nicht gefährlicher ist, als die Grippe – Leiter des Notfall-Programms kommt mit 'bester Schätzung' auf eine Infektionssterblichkeitsrate von 01,4%*") ist nachzulesen unter dem Link:

https://off-guardian.org/2020/10/08/who-accidentally-confirms-covid-is-no-more-dangerous-than-flu/

Dort heißt es betreffend eine Sondersitzung vom 05.10.20:

> *"The World Health Organization has finally confirmed what we (and many experts and studies) have been saying for months – the coronavirus is no more deadly or dangerous than seasonal flu."*
>
> Übersetzung:
>
> *„Die WHO hat endlich bestätigt, was wir (und viele Experten und Studien) seit Monaten gesagt haben – das Coronavirus ist nicht tödlicher oder gefährlicher als die saisonale Grippe."*
>
> [...]
>
> *"At the session, Dr Michael Ryan, the WHO's Head of Emergencies revealed that they believe roughly 10% of the world has been infected with Sars-CoV-2. This is their 'best estimate', and a huge increase over the number of officially recognized cases (around 35 million)."*
>
> Übersetzung:
>
> *„In der Sitzung enthüllte Dr. Michael Ryan, der Leiter der WHO Abteilung für Notfälle, dass die WHO glaubt, dass ungefähr 10% der Welt (Bevölkerung) mit SARS -CoV-2 infiziert sei. Dies ist ihre ‚beste Schätzung', und ein riesiger Anstieg gegenüber den offiziell anerkannten Fällen (ungefähr 35 Millionen)"*
>
> *"Dr. Margaret Harris, a WHO spokeswoman, later confirmed the figure, stating it was based on the average results of all the broad seroprevalence studies done around the world. „*
>
> Übersetzung:
>
> *„Dr. Margaret Harris, eine WHO Sprecherin bestätigte diese Zahl später und wies darauf hin, dass sie auf den Durchschnittszahlen aller breit angelegten Seroprävalenz-Studien beruht, welche weltweit durchgeführt wurden."*
>
> *"The global population is roughly 7.8 billion people, if 10% have been infected that is 780 million cases. The global death toll currently attributed to Sars-CoV-2 infections is 1,061,539."*
>
> Übersetzung:

„Die Weltbevölkerung beträgt rund 7,8 Milliarden Menschen, wenn 10% infiziert sind, sind das 780 Millionen Fälle. Die weltweiten Todesfälle, die gegenwärtig einer SARS-CoV- 2 Infektion zugeschrieben werden, belaufen sich auf 1.061.539.“

“That’s an infection fatality rate of roughly or 0.14%. Right in line with seasonal flu and the predictions of many experts from all around the world. „

Übersetzung:

„Das entspricht einer Todesrate bei Infektionen von ungefähr 0,14%. Dies liegt genau auf der Linie der saisonalen Grippe und entspricht den Vorhersagen vieler Experten weltweit.“

“0.14% is over 24 times LOWER than the WHO’s “provisional figure” of 3.4% back in March. This figure was used in the models which were used to justify lockdowns and other draconian policies.“

Übersetzung:

„0,14% ist mehr als 24 Mal niedriger als die von der WHO im März verkündete provisorische Zahl von 3,4%. Diese Zahl wurde in Modellen benutzt, die dazu dienten, die Lockdowns und anderen drakonischen Maßnahmen zu rechtfertigen.“

“In fact, given the over-reporting of alleged Covid deaths, the IFR is likely even lower than 0.14%, and could show Covid to be much less dangerous than flu.“

“Angesichts der übertrieben übermittelten Zahlen dürfte die Infektionstodesrate noch niedriger sein als 0,14% und zeigen, dass Covid weit weniger gefährlich ist, als die Grippe.“

Unten auf der Seite findet sich ein abhörbares Audio mit dem konkreten Zitat von Dr. Michael Ryan betreffend die 10% weltweit Infizierten.

dd.

Falsch ist in diesem Zusammenhang auch, dass der Kläger mit „seinem Video“ (welches der beiden oben auszugsweise zitierten ist gemeint?) *„Geld sammelt für eine Crowdfunding-Kampagne über die Plattform Indiegogo, die bereits 21.000 € eingenommen hat (Quelle)*“. Der mit dem Wort „Quelle“ verknüpfe Link ist:

https://www.indiegogo.com/projects/corona-film#/

Er führt zur Seite einer Crowdfunding-Kampagne (eines Projektes welches im Internet vorgestellt wird und zu dessen Verwirklichung ausschließlich mit Spenden gearbeitet wird), welche durch Herrn Robert Cibis (Geschäftsführer einer der Gesellschaften aus der Unternehmensgruppe Ovalmedia) ins Leben gerufen wurde. Sie trägt den Titel

"CORONA.film - An investigative 90 min. documentary on the coronavirus and its media influence."

Anlage K 5 (Ausdruck der Kampagnenseite des Zeugen Robert Cibis betreffend das Filmprojekt *"CORONA.film - An investigative 90 min. documentary on the coronavirus and its media influence."*)

Der Zeuge Cibis hat die Kampagne zwecks Spendenfinanzierung seines Dokumentarfilmprojekts begonnen. Der Kläger hat mit dieser Kampagne nichts zu tun, sie insbesondere nicht ins Leben gerufen, und er erhält zudem weder unmittelbar noch mittelbar über diese Kampagne Geld oder sonstige Zuwendungen.

Richtig ist, dass der Kläger an zwei Stellen des auf der Seite der Kampagne verlinkten Youtube-Videos (https://www.youtube.com/watch?v=BdYoAGafv8c) zu Wort kommt:

Minute 0:35 - 0:51

> *"Ich möchte was erzählen über die Coronavirus-Epidemie die wir angeblich haben sollen, und ich dachte erst dieser Hype geht wieder vorbei als das losging, aber das hat sich ja so gesteigert das ich denke, da muss man mal genauer drüber nachdenken."*

Minute 01:07 - 01:17

> *"....wenn ich jetzt in Italien gucke - 'Oh die sterben alle!' - dann möchte ich wissen wo sind die Tests genommen worden. Wie hat man die wenigen Tests die zur Verfügung stehen ... wo hat man sie benutzt."*

Keines dieser Zitate, aber auch sonst keinerlei Tatsache stützt die wahrheitswidrige Behauptung der Beklagten, dass der Kläger *„Geld sammelt für eine Crowdfunding-Kampagne über die Plattform Indiegogo, die bereits 21.000 € eingenommen hat (Quelle)"*

4. Klageantrag zu 1 e (angeblich unseriöse Thesen des Klägers)

Nach alledem ist auch belegt, dass die dargelegten Tatsachen und daran anknüpfenden Standpunkte des Klägers , welche er in den zitierten Ausschnitten der zwei Videos vorgebracht hat, nicht allein von ihm, sondern von einer Reihe namhafter, seriöser Wissenschaftlern benannt und vertreten werden.

5. Klageantrag zu 1 f (Gehirnschwund)

Es ist offenkundig, dass die Beklagten ihre schmähende, beleidigende Behauptung, dass der Kläger an „Gehirnschwund" leidet, auf rein gar nichts stützen kann. Diese Schmähung bezieht sich auf den Kläger, da dieser im vorangegangenen Absatz im Zusammenhang mit seinem angeblichen „Geldsammeln" namentlich benannt wurde, um dann im Absatz mit

der Schmähung die Behauptung der Gefährdung von Menschen für Geld als Folge von „Gehirnschwund“ als „Nebenwirkung des Coronavirus“ als „Frage“ aufzuwerfen.

III. Artikel der Beklagten vom 04. Oktober 2020

Die Beklagten veröffentlichten unter dem 04. Oktober 2020 auf der Internetseite www.volksverpetzer.de einen Artikel mit den Überschriften „*So genau sind in Wahrheit PCR-Tests: Ihr Hauptargument widerlegt*“ und „*PCR-Tests sind sehr genau – teile diesen Text um die zentralen Lügen der Pandemie-Leugner zu widerlegen.*“

Anlage K 6 (Artikel auf der Internetseite www.volksverpetzer.de mit den Überschriften „*So genau sind in Wahrheit PCR-Tests: Ihr Hauptargument widerlegt*“ und „*PCR-Tests sind sehr genau – teile diesen Text um die zentralen Lügen der Pandemie-Leugner zu widerlegen.*“

Auch dieser Artikel der Beklagten enthält eine Vielzahl die Ehre und die Kreditwürdigkeit des Klägers verletzende unwahre Behauptungen der Beklagten.

Zu Beginn des Artikels findet sich ein aus mehreren Elementen bestehendes Bild auf welchem der Kläger zusammen mit den Herren Dr. med. Bodo Schiffmann (ein HNO-Arzt aus Sinsheim) und Prof. Dr. med. Sucharit Bhakdi zu sehen ist. Prof. Dr. med. Bhakdi ist Facharzt für Mikrobiologie und Infektionsepidemiologie. Er war bis zu seinem Ruhestand Professor an der Johannes Gutenberg-Universität Mainz und von 1991 bis 2012 Leiter des dortigen Instituts für Medizinische Mikrobiologie und Hygiene.

Nach dem Bild findet sich unter der Zwischenüberschrift „*Das zentrale Argument der Pandemie-Leugner*“ der folgende, pauschal all diejenigen Personen, die Zweifel an den Corona-Maßnahmen anmelden betreffende Abschnitt:

> *„Alle führenden Pandemie-Leugner haben diese Lüge bereits zigmal wiederholt. Sie ist DER zentrale Baustein der Corona-Leugner. Und genau diese Lüge werden wir jetzt so gründlich und ausführlich zerstören, dass davon nichts mehr übrigbleibt. Es geht um die Genauigkeit der PCR-Tests. Wir werden zeigen:*
>
> *Die PCR-Tests sind validiert,*
>
> *Die PCR-Tests testen ausschließlich SARS-Viren und keine harmlosen Erkältungsviren und*
>
> *Und die PCR-Tests sind extrem genau, viel genauer als Corona-Leugner behaupten.“*

Weiter unten heißt es dann in dem den Kläger konkret erwähnenden Teil des Artikels:

> *„Auch Pandemie-Leugner Dr. Wolfgang Wodarg lügt: ‚Es [ist] also sehr wahrscheinlich, dass ein großer Anteil von schwerwiegenden Entscheidungen auf falschen Testergebnissen beruht.‘ In einem anderen Beitrag spricht er von ‘über 1% falsch positive‘. Er behauptet außerdem, der Ausbruch bei Tönnies wäre irgendwie durch Rinder-Coronaviren fehldiagnostiziert worden.*

Pandemie-Leugner zielen dabei vor allem auf Falsch Positive Ergebnisse und behaupten mit erfundenen Zahlen, dass die Pandemie eigentlich vorbei sei. Daher werden wir hier vor allem Gerüchte und Lügen über die Falsch Positiv Rate zerlegen. Über die PCR-Tests wurden mittlerweile so viele Lügen verbreitet, dass wir vermutlich nicht alle davon widerlegen können in diesem einen Text. [...]"

Das Wort „lügt" ist mit einem Link zu folgendem Beitrag des Klägers vom 30. Mai 2020 auf Facebook verknüpft.

https://www.facebook.com/83788386909/posts/faktencheck-pcr-test-2zusammengefasst-sagt-das-cdc-zu-den-provisorischen-tests-f/10156816189111910/ -

Dort heißt es:

„Faktencheck: PCR-Test 2

Zusammengefasst sagt das CDC zu den provisorischen Tests (For Emergency Use Only):

1. Die SARS-CoV-2 PCR-Tests sind sehr wahrscheinlich oft falsch positiv und
2. wenn sie positiv sind, sagen sie noch nichts über das Vorhandensein von infektiösen Viren oder über deren Ursache für Krankheitssymptome aus.

Wenn wir den PCR-Test nicht hätten, würden wir die Zahl der in diesem Jahr Erkrankten (1) und Verstorbenen (2) als Auswirkungen einer mittelstarken saisonalen Grippewelle mit Bedauern zur Kenntnis nehmen und uns auf den Sommer freuen. Aber Politik und Gesundheitsbehörden drohen uns mit positiven SARS-CoV-2-Testergebnissen und begründen mit ihnen unsere Freiheitseinschränkungen. Sogar Arbeitgeber sollen jetzt Tests oder Immunitätsausweise zur Voraussetzung von Beschäftigung fordern dürfen. Alle Entscheidungen von Politik und Verwaltung hängen an der Aussagekraft des PCR-Tests!

Jeder der Verantwortung für diese Entscheidungen in Politik, Verwaltung oder Justiz trägt, muss sich deshalb mit der Aussagekraft der benutzten Tests gründlich auseinandersetzen. Denn sie können sich nicht auf eine amtliche Zulassung der Tests berufen, da keiner der Tests amtlich zugelassen ist.

Die amerikanische Gesundheitsbehörde, das Center for Disease Control (CDC) hat einige international verwendete Virus-Suchtests (PCR-Tests) und auch den in Deutschland hauptsächlich genutzten Test von Drosten, Landt et al. geprüft und zur Einschränkung der Aussagefähigkeit dieser Tests festgestellt (3):

Da die Prävalenz von Covid-19 unter den Getesteten in Deutschland nie über 10% lag und sich zuletzt trotz krampfhaft gesteigerter Suche bei 1,7% einpendelte, ist es also sehr wahrscheinlich, dass ein großer Anteil von schwerwiegenden Entscheidungen auf falschen Testergebnissen beruht. Das betrifft nur die Validität der Testaussage. Noch problematischer werden alle Entscheidungen, wenn auch die Bedeutung eines positiven Tests in Bezug auf Krankheitsfolgen in Frage gestellt wird.

Das CDC hierzu auf Seite 33 unten:

Zusammengefasst sagt das CDC zu den provisorischen Tests (For Emergency Use Only):

1. Die SARS-CoV-2 PCR-Tests sind sehr wahrscheinlich oft falsch positiv und

2. wenn sie positiv sind, sagen sie noch nichts über das Vorhandensein von infektiösen Viren oder über deren Ursache für Krankheitssymptome aus. [...]"

Das CDC-Dokument vom 15. März 2020, auf welches sich der Kläger in seinem genannten Beitrag bezieht, trägt den Titel „CDC 2019-Novel Coronavirus (2019-nCoV) Real-Time RT-PCR Diagnostic Panel“, hat die CDC-Kennung CDC-006-00019 (Revision: 02).

Anlage K 7 (CDC-Dokument vom 15. März 2020 mit dem Titel „CDC 2019-Novel Coronavirus (2019-nCoV) Real-Time RT-PCR Diagnostic Panel“, und mit der CDC-Kennung CDC-006-00019 (Revision: 02))

In den letzten fünf Punkten auf Seite 33 heißt es dort:

“• Positive and negative predictive values are highly dependent on prevalence. False negative test results are more likely when prevalence of disease is high. False positive test results are more likely when prevalence is moderate to low.

• Do not use any reagent past the expiration date.

• If the virus mutates in the rRT-PCR target region, 2019-nCoV may not be detected or may be detected less predictably. Inhibitors or other types of interference may produce a false negative result. An interference study evaluating the effect of common cold medications was not performed.

• Test performance can be affected because the epidemiology and clinical spectrum of infection caused by 2019-nCoV is not fully known. For example, clinicians and laboratories may not know the optimum types of specimens to collect, and, during the course of infection, when these specimens are most likely to contain levels of viral RNA that can be readily detected.

• Detection of viral RNA may not indicate the presence of infectious virus or that 2019-nCoV is the causative agent for clinical symptoms.”

Übersetzung:

• Positive und negative prädiktive Werte sind stark von der Prävalenz abhängig. Falsch-negative Testergebnisse sind wahrscheinlicher, wenn die Prävalenz der

Krankheit hoch ist. Falsch-positive Testergebnisse sind wahrscheinlicher, wenn die Prävalenz mäßig bis niedrig ist.

- *Verwenden Sie keine Reagenzien nach Ablauf des Verfallsdatums.*

- *Wenn das Virus in der rRT-PCR-Zielregion mutiert, kann 2019-nCoV möglicherweise nicht oder weniger vorhersehbar nachgewiesen werden. Inhibitoren oder andere Arten von Interferenzen können zu einem falsch negativen Ergebnis führen. Eine Interferenzstudie zur Bewertung der Wirkung von Erkältungsmedikamenten wurde nicht durchgeführt.*

- *Die Testdurchführung kann beeinträchtigt werden, da die Epidemiologie und das klinische Spektrum der durch 2019-nCoV verursachten Infektion nicht vollständig bekannt ist. Zum Beispiel kennen Kliniker und Laboratorien möglicherweise nicht die optimalen Arten von Proben, die zu sammeln sind, und während des Infektionsverlaufs, wenn diese Proben höchstwahrscheinlich Mengen an viraler RNA enthalten, die sich leicht nachweisen lassen.*

- *Der Nachweis von viraler RNA weist möglicherweise nicht auf das Vorhandensein eines infektiösen Virus oder darauf hin, dass 2019-nCoV der Erreger klinischer Symptome ist.*

1. Grundsätzliches zum PCR-Test

PCR-Tests sind als Instrument der Diagnostik für eine aktive Infektion aus zahlreichen Gründen bereits im Ansatz ungeeignet.

a.

PCR-Tests sind ausdrücklich nur für wissenschaftliche Zwecke, nicht aber für diagnostische Zwecke zugelassen. Der Erfinder des PCR-Tests, der im August 2019 verstorbene Nobelpreisträger Kary Mullis hat immer wieder darauf hingewiesen, daß sein Test allein dazu geeignet ist, ein ansonsten für das menschliche Auge unsichtbares Molekül oder Fragment eines Moleküls durch Vergrößerung (amplification) sichtbar zu machen, nicht aber, eine Aussage dazu zuzulassen, ob das, was sichtbar gemacht wurde, gefährlich ist oder krank macht. Insbesondere kann ein PCR Test – auch wenn er korrekt durchgeführt wird - keinerlei Aussage dazu treffen, ob eine Person infiziert/infektiös (= ansteckend für andere) ist, nicht. Denn der Test kann nicht unterscheiden zwischen „toter“ Materie, d.h., z.B. einem völlig harmlosen Überbleibsel des Kampfes des körpereigenen Immunsystems gegen eine Erkältung oder eine Grippe (solche Fragmente finden sich noch viele Monate nachdem das Immunsystem das Problem „erledigt“ hat) und „lebender“ Materie, d.h.. einem „frischen“, reproduktionsfähigen Virus.

Selbst wenn also alles „richtig“ gemacht wird, und der Test positiv ist, d.h.: eine Sequenz eines Moleküls erkennt, welche ggf. auch in einem oder sogar dem konkreten Wuhan-Virus existiert, bedeutet dies unter keinen Umständen, daß die Person, welche positiv getestet wurde, mit vermehrungsfähigen Sars Cov 2 infiziert ist und also für andere ansteckend = gefährlich ist

Vielmehr müssen für die Feststellung einer Infektion mit Sars Cov 2 weitere, und zwar konkret diagnostische Methoden eingesetzt werden. Insbesondere ist höchst streitig

und wird von der Wissenschaft die – wissentlich falsch aufgestellte - Behauptung abgelehnt, daß es überhaupt sogenannte asymptomatische Infektionen gibt, daß also Personen, die keinerlei Symptome (z.B. Halsschmerzen, Kopfschmerzen) zeigen, infiziert sein können. Unstreitig in der Wissenschaft ist, daß es keinen einzigen belegten Fall einer asymptomatisch infizierten Person gibt. Das bedeutet: Wer keine Symptome hat, ist nicht infiziert, sondern gesund.

b.

Tatsächlich aber hängen die Ergebnisse eines PCR-Tests von einer Reihe von Parametern ab, die gezielt so manipuliert werden können, daß viele oder wenige (scheinbar) positive Ergebnisse erzielt werden. Unter anderem kann man sich darauf beschränken, nur eine einzige Gensequenz zu testen (wie dies in Deutschland und überall sonst, wo der inzwischen sogenannte „Drosten-Test mit Hilfe der WHO empfohlen wurde, überwiegend geschehen ist), oder man kann – wie dies z.B. in Thailand geschehen ist und zu so gut wie keinen „Fällen" geführt hat - 3 oder 6 Gensequenzen testen. Insbesondere stellen aber die Anzahl der Zyklen der Amplifikation eine entscheidende Stellschraube dar. Die Vergößerung kann eingestellt werden auf 1, 2, 3, 4 usw., wobei diese Schritte bedeuten, daß das jeweils um das 2 fache, 4 fache, 8 fache, 16 fache, 32 fache, usw. vergrößert wird. Das Frankfurter Gesundheitsamt z.B. geht davon aus, daß alles was erst bei einem Zyklus von 25 erkannt wird, bedeutungslos ist und beachtet die so erkannten „positiv"-Resultate eines cut off (Ct-Wertes) von mehr als 25 gar nicht. Selbst das RKI hat veröffentlicht, dass jenseits der 30 nicht mehr mit einer Infektiosität zu rechnen ist.

Eine kanadische Studie von Jared Bullard/Guillaume Poliquin in Clinical Infectious Deseases 2020, nachzulesen unter dem Link:

https://doi.org/10.1093/cid/ciaa638

kam bereits im Mai 2020 zu dem Ergebnis, dass oberhalb von Ct 24 kein reproduktionsfähiges Virus mehr gefunden wurde – will sagen: Der Versuch, aus Abstrich-Proben, die erst bei einem höheren Ct-Wert zu einem positiven Test führten, anschließend vermehrungsfähige Viren anzuzüchten, scheiterte. Oberhalb von Ct = 24 ist dieser Studie die Menge nachweisbaren viralen Erbguts also so gering, dass sich der positive Test jedenfalls nicht mehr im Sinne einer aktiven Infektion interpretieren ließ.

Einhellige wissenschaftliche Meinung (u.a. auch des Dr. Fauci vom US CDC, aber auch eine Reihe von von der Ney York Times im August 2020 zitierten Wissenschaftler) ist, daß alle „positiv"-Resultate, die erst ab einem Zyklus von 35 erkannt werden, keinerlei wissenschaftliche (d.h.: keine evidenzbasierte) Grundlage haben. Der mit Hilfe der WHO weltweit propagierte „Drosten-Test" hingegen war (und ihm folgend auch alle anderen auf ihm als Blaupause basierenden Tests) auf 45 Zyklen eingestellt.

Dementsprechend heißt es in einer CDC-Veröffentlichung vom 13.07.20 unter der Überschrift *„CDC 2019-Novel Coronavirus (2019-nCoV) Real-Time RT-PCR Diagnostic Panel For Emergency Use Only Instructions for Use"*, welche über den nachfolgenden link abgerufen werden kann

https://www.fda.gov/media/134922/download

auf S. 38 unter der (noch auf S. 37 zu findenden) Überschrift „Limitations“

> *“• Detection of viral RNA may not indicate the presence of infectious virus or that 2019-nCoV is the causative agent for clinical symptoms.*
>
> *• The performance of this test has not been established for monitoring treatment of 2019-nCoV infection.*
>
> ....
>
> *• This test cannot rule out diseases caused by other bacterial or viral pathogens.”*

Die Übersetzung lautet:

> *- Der Nachweis von viraler RNA weist möglicherweise nicht auf das Vorhandensein eines infektiösen Virus hin oder darauf, dass 2019-nCoV der ursächlicher Erreger für klinische Symptome ist.*
>
> *- Die Durchführung dieses Tests ist nicht für die Überwachung der Behandlung von 2019-nCoV Infektion gesichert.*
>
> .....
>
> *- Dieser Test kann Krankheiten, die durch andere bakterielle oder virale Erreger verursacht werden, nicht ausschließen.*

c.

Der oben bereits in Bezug genommene ehemalige Vice Präsident und Chief Science Officer von Pfizer, Dr. Mike Yeadon wird in einem Artikel vom 23.09.2020 unter dem Titel „*Chief Science Officer of Pfizer says „Second Wave“ Faked on False-Positive COVID Tests, „Pandemic is over*“ interviewt, zu finden unter dem link

https://thehuntingtonian.com/2020/10/06/chief-science-officer-for-pfizer-says-second-wave-faked-on-false-positive-covid-tests-pandemic-is-over/

Dort wird zunächst auf S. 3 oben grundsätzlich zur Covid-Pandemie festgestellt:

> *“The survival rate of COVID-19 has been upgraded since May to 99.8% of infections. This comes close to ordinary flu, the survival rate of which is 99.9%. Although COVID can have serious after-effects, so can flu or any respiratory illness. The present survival rate is far higher than initial grim guesses in March and April, cited by Dr. Anthony Fauci, of 94%, or 20 to 30 times deadlier. The Infection Fatality Rate (IFR) value accepted by Yeadon* et al *in the paper is .26%. The survival rate of a disease is 100% minus the IFR.”*

Übersetzt:

> *„Die Überlebensrate von COVID-19 ist seit Mai auf 99,8% der Infektionen erhöht worden. Dies kommt einer normalen Grippe nahe, deren Überlebensrate bei 99,9% liegt. Obwohl COVID schwerwiegende Nachwirkungen haben kann, kann eine*

> *Grippe oder jede andere Atemwegserkrankung ebenfalls schwerwiegende Folgen haben. Die derzeitige Überlebensrate ist mit 94% weit höher als die von Dr. Anthony Fauci zitierten ersten grimmigen Vermutungen im März und April, d.h. 20 bis 30 Mal tödlicher. Der von Yeadon et al. in der Studie akzeptierte Wert für die Infektionstödlichkeitsrate (IFR) liegt bei 0,26%. Die Überlebensrate einer Krankheit beträgt 100% abzüglich der IFR." (Inzwischen geht sogar die WHO von einer IFR von 0,14% aus, siehe oben, Anm. d. Unterz.)*

Weiter unten auf derselben Seite weist Dr. Yeadon in dem Interview auf eine längst vorhandene Grund-, bzw. Herdenimmunität der Weltbevölkerung hin:

> *"A major component our immune systems is the group of white blood cells called T-cells whose job it is to memorise a short piece of whatever virus we were infected with so the right cell types can multiply rapidly and protect us if we get a related infection. Responses to COVID-19 have been shown in dozens of blood samples taken from donors before the new virus arrived."*

Introducing the idea that some prior immunity to COVID-19 already existed, the authors of "How Likely is a Second Wave?" write:

> *"It is now established that at least 30% of our population already had immunological recognition of this new virus, before it even arrived...COVID-19 is new, but coronaviruses are not."*

They go on to say that, because of this prior resistance, only 15-25% of a population being infected may be sufficient to reach herd immunity:

> *"...epidemiological studies show that, with the extent of prior immunity that we can now reasonably assume to be the case, only 15-25% of the population being infected is sufficient to bring the spread of the virus to a halt..."*

In the US, accepting a death toll of 200,000, and an infection fatality rate of 99.8%, this would mean for every person who has died, there would be about 400 people who had been infected, and lived. This would translate to around 80 million Americans, or 27% of the population. This touches Yeadon's and his colleagues' threshold for herd immunity. The authors say:

> *"current literature finds that between 20% and 50% of the population display this pre-pandemic T-cell responsiveness, meaning we could adopt an initially susceptible population value from 80% to 50%. The lower the real initial susceptibility, the more secure we are in our contention that a herd immunity threshold (HIT) has been reached."*

Übersetzt:

> *"Ein Hauptbestandteil unseres Immunsystems ist die Gruppe der weißen Blutkörperchen, die T-Zellen, deren Aufgabe es ist, sich ein kurzes Stück des Virus, mit dem wir infiziert wurden, einzuprägen, damit sich die richtigen Zelltypen schnell vermehren und uns schützen können, falls wir eine verwandte Infektion bekommen. Reaktionen auf COVID-19 haben sich in Dutzenden von Blutproben gezeigt, die von Spendern entnommen wurden, bevor das neue Virus eintraf".*

Die Autoren von "Wie wahrscheinlich ist eine zweite Welle?" führen die Idee ein, dass bereits eine gewisse Immunität gegen COVID-19 bestand:

"Es steht jetzt fest, dass mindestens 30% unserer Bevölkerung dieses neue Virus bereits immunologisch erkannt hatten, bevor es überhaupt ankam... COVID-19 ist neu, Coronaviren jedoch nicht.

Sie führen weiter aus, dass aufgrund dieser früheren Resistenz nur 15-25 % einer infizierten Bevölkerung ausreichen könnten, um Herdenimmunität zu erreichen:

"...epidemiologische Studien zeigen, dass bei dem Ausmaß an früherer Immunität, das wir heute vernünftigerweise annehmen können, nur 15-25% der infizierten Bevölkerung ausreichen, um die Ausbreitung des Virus zum Stillstand zu bringen...".

In den USA würde dies bei einer angenommenen Zahl von 200.000 Todesopfern und einer Infektionstodesrate von 99,8% bedeuten, dass auf jeden Verstorbenen etwa 400 Menschen kommen würden, die infiziert wurden und noch leben. Das entspräche etwa 80 Millionen Amerikanern oder 27% der Bevölkerung. Dies berührt die Schwelle der Herdenimmunität von Yeadon und seinen Kollegen."

Vor diesem soeben geschilderten Hintergrund einerseits betreffend die PCR-Tests und andererseits betreffend die tatsächliche Gefährlichkeit des Corona-Virus angesichts der bereits vorhandenen T-Zellen, bzw. Grund- und Herdenimmunität schreibt Yeadon in einem weiteren rtikel vom 20.09.2020 unter dem Titel „Lies, Damned Lies and Health Statistics – the Dadly Danger of False Positives", nachzulesen unter diesem Link:

https://lockdownsceptics.org/lies-damned-lies-and-health-statistics-the-deadly-danger-of-false-positives/

auf S. 5 – und nimmt insoweit unter anderem Bezug auf Prof. Carl Heneghan - daß mindestens 90% aller positiven PCR-Test-Resultate Falsch Positiv sind:

"Because of the high false positive rate and the low prevalence, almost every positive test, a so-called case, identified by Pillar 2 since May of this year has been a FALSE POSITIVE. Not just a few percent. Not a quarter or even a half of the positives are FALSE, but around 90% of them.

Übersetzt:

„Aufgrund der hohen Falsch-Positiv-Rate und der geringen Prävalenz war fast jeder positive Test, ein sogenannter Fall, der seit Mai dieses Jahres von Säule 2 identifiziert wurde, ein FALSCH POSITIV. Nicht nur ein paar Prozent. Nicht ein Viertel oder auch nur die Hälfte der Positiven sind FALSCH POSITIV, sondern rund 90%."

Auf S. 6 unten schreibt er:

„This test is fatally flawed and MUST immediately be withdrawn and never used again in this setting unless shown to be fixed. ..."

Übersetzt:

„Dieser Test ist mit fatalen Mängeln behaftet und MUSS sofort zurückgezogen und nie wieder in dieser Einstellung verwendet werden, es sei denn, er wird nachweislich repariert."

Und er endet auf S. 10 mit den Worten:

"I have explained how a hopelessly-performing diagnostic test has been, and continues to be used, not for diagnosis of disease but, it seems, solely to create fear.

This misuse of power must cease.

Übersetzung:

„Ich habe erklärt, wie ein hoffnungslos arbeitender diagnostischer Test nicht zur Diagnose von Krankheiten, sondern, wie es scheint, einzig und allein zur Erzeugung von Angst eingesetzt wurde und weiterhin eingesetzt wird.

Dieser Machtmissbrauch muss aufhören."

d.

Der ebenfalls oben bereits in Bezug genommene kanadische PCR-Test-Hersteller, Medizinprofessor und Chairman of the Royal College of Physicians and Surgeons Ottawa, Canada Dr Roger Hodgkinson erklärte im Rahmen einer Parlamentsanhörung in Ottawa vor wenigen Tagen (nachzuhören unter dem link https://www.bitchute.com/video/Rs9R4PP5htlx/) grundsätzlich zur Corona-Pandemie:

"There is utterly unfounded public hysteria driven by the media and politicians. This is the biggest hoax ever perpetrated on an unsuspected public. There is absolutely nothing that can be done to contain this virus. This is nothing more than a bad flu season. It's politics playing medicine and that's a very dangerous game.

"There is no action needed...Masks are utterly useless. There is no evidence whatsoever they are even effective. It is utterly ridiculous seeing these unfortunate, uneducated people walking around like lemmings obeying without any evidence. Social distancing is also useless... [T]he risk of death under 65 is 1 in 300,000...response is utterly ridiculous."

Übersetzt:

"Es gibt eine völlig unbegründete öffentliche Hysterie, die von den Medien und Politikern angetrieben wird. Das ist der größte Schwindel, der je an einer ahnungslosen Öffentlichkeit begangen wurde. Es gibt absolut nichts, was getan werden kann, um diesen Virus einzudämmen. Dies ist nicht mehr als eine schlechte Grippesaison. Es ist Politik, die Medizin spielt, und das ist ein sehr gefährliches Spiel."

Und:

"Es besteht kein Handlungsbedarf... Masken sind völlig nutzlos. Es gibt keinerlei Beweise dafür, dass sie überhaupt wirksam sind. Es ist völlig lächerlich, diese unglücklichen, ungebildeten Menschen wie Lemminge herumlaufen zu sehen, die wie Lemminge ohne jeden Beweis gehorchen. Soziale Distanzierung ist ebenfalls

nutzlos... Das Risiko, unter 65 zu sterben, liegt bei 1 zu 300.000... Die Reaktion ist völlig lächerlich."

Konkret zum PCR-Test erklärt er:

> *„And a word on testing. I do want to emphasize that I´m in the business of testing of Covid. I do want to emphasize that positive test results do not – underlined in neon – mean a clinical infection. It´s simply driving public hysteria, and all testing should stop."*

Übersetzt:

> *„Und ein Wort zu den Tests. Ich möchte betonen, dass ich in der Branche der Tests für Covid tätig bin. Ich möchte betonen, dass positive Testergebnisse nicht - unterstrichen in Neon - eine klinische Infektion bedeuten. Es treibt lediglich die öffentliche Hysterie an, und alle Tests sollten aufhören."*

Danach erläutert er, daß – wie stets bei jeder Grippe – auf normalem Wege diejenigen geschützt werden können, die tatsächlich gefährdet sind.

e.

Inzwischen liegt auch, wie eingangs dieser Klageschrift erwähnt, eine erste Gerichtsentscheidung betreffend die Unzuverlässigkeit der PCR-Tests vor. Es handelt sich um die Entscheidung eines portugiesischen Berufungsgerichts vom 11.11.2020. Sie betrifft eine Klage wegen Freiheitsentziehung (habeas corpus), welche auf einer Quarantäne-Maßnahme beruht, die auf einen positiven PCR-Test gestützt wurde. Vier Touristen wurden getestet, einer von ihnen positiv, alle wurden ihrer Freiheit beraubt, der positiv Getestete in seinem Hotelzimmer eingesperrt. Das Original der Entscheidung wie auch eine amtlich beglaubigte Übersetzung werden übergeben als

Anlage K 8 a und b (Urteil des Portugiesischen Berufungsgerichts vom 11.11.2020 im portugiesischen Original und in amtlich beglaubigter Übersetzung)

Eine Zusammenfassung der Entscheidung des Gerichts in deutscher Sprache lautet wie folgt:

> *„Eine medizinische Diagnose ist eine medizinische Handlung, zu der nur ein Arzt rechtlich befugt ist, und für die dieser Arzt allein und vollständig verantwortlich ist. Keine andere Person oder Institution, einschließlich Regierungsbehörden oder Gerichte, hat eine solche Befugnis. Es ist nicht Aufgabe der regionalen Gesundheitsbehörde der Azoren, jemanden für krank oder gesundheitsgefährdend zu erklären. Nur ein Arzt kann dies tun. Niemand kann per Dekret oder Gesetz für krank oder gesundheitsgefährdend erklärt werden, auch nicht als automatische, administrative Folge des Ergebnisses eines Labortests, egal welcher Art."*

Daraus folgert das Gericht, dass

> *"bei Durchführung ohne vorherige ärztliche Beobachtung des Patienten, ohne Beteiligung eines durch den Ordem dos Médicos zertifizierten Arztes, der die Symptome beurteilt und die für notwendig erachteten Tests/Prüfungen verlangt hätte, jede*

Handlung der Diagnose, oder irgendeine Handlung zur Überwachung der öffentlichen Gesundheit (wie z.B. die Feststellung, ob eine Virusinfektion oder ein hohes Expositionsrisiko besteht, was die oben genannten Begriffe zusammenfassen) gegen [eine Reihe von Gesetzen und Vorschriften] verstößt und ein Verbrechen der usurpação de funções [unrechtmäßige Berufsausübung] darstellen kann, wenn diese Handlungen von jemandem ausgeführt oder diktiert werden, dem die Fähigkeit dazu fehlt, i. e., von jemandem, der kein approbierter Arzt ist [um in Portugal Medizin zu praktizieren, reicht ein Abschluss nicht aus, man muß als qualifiziert für die Ausübung des Arztberufs anerkannt werden, indem man sich einer Prüfung mit dem Ordem dos Médicos unterzieht, Anm. d. Unterz]".

Darüber hinaus stellt das Gericht fest, dass die Gesundheitsbehörde der Azoren gegen Artikel 6 der Allgemeinen Erklärung über Bioethik und Menschenrechte verstoßen hat, da sie es versäumt hat, den Nachweis zu erbringen, dass die in dieser Erklärung vorgeschriebene informierte Zustimmung von den PCR-getesteten Personen erteilt wurde, die sich gegen die ihnen auferlegten Zwangsquarantänemaßnahmen beschwert hatten.

Aus den dem Gericht vorgelegten Fakten schloss es, dass weder vor noch nach der Durchführung des Tests Beweise oder auch nur Hinweise darauf vorlagen, dass die vier fraglichen Personen von einem Arzt untersucht worden waren.

Das Obige würde ausreichen, um die Zwangsquarantäne der vier Personen als rechtswidrig zu betrachten. Das Gericht hielt es jedoch für notwendig, einige sehr wesentliche Überlegungen zu den PCR-Tests hinzuzufügen:

"Auf der Grundlage der derzeit verfügbaren wissenschaftlichen Beweise ist dieser Test [der RT-PCR-Test] an und für sich nicht in der Lage, zweifelsfrei festzustellen, ob die Positivität tatsächlich einer Infektion mit dem SARS-CoV-2-Virus entspricht, und zwar aus mehreren Gründen, von denen zwei von vorrangiger Bedeutung sind (zu denen man noch die Frage des Goldstandards hinzufügen müsste, die aufgrund der Spezifität dieser Frage hier nicht berücksichtigt wird): Die Zuverlässigkeit des Tests hängt von der Anzahl der verwendeten Zyklen ab; die Zuverlässigkeit des Tests hängt von der vorhandenen Viruslast ab.

Unter Berufung auf Jaafar et al. (2020;) kommt das Gericht zu dem Schluss, dass

"... wenn eine Person durch PCR als positiv getestet wird, wenn ein Schwellenwert von 35 Zyklen oder höher verwendet wird (wie es in den meisten Labors in Europa und den USA die Regel ist), die Wahrscheinlichkeit, dass diese Person infiziert ist, <3% beträgt und die Wahrscheinlichkeit, dass das Ergebnis ein falsches Positiv ist, 97% beträgt".

Das Gericht stellt ferner fest, dass der Schwellenwert für die Zyklen, der für die derzeit in Portugal durchgeführten PCR-Tests verwendet wird, unbekannt ist.

Das Gericht zitiert Surkova et al. (2020) und stellt weiter fest, dass jeder diagnostische Test im Kontext der tatsächlichen Krankheitswahrscheinlichkeit interpretiert werden muss, wie sie vor der Durchführung des Tests selbst eingeschätzt wurde, und äußert die Meinung, dass

"in der gegenwärtigen epidemiologischen Landschaft des Vereinigten Königreichs die Wahrscheinlichkeit zunimmt, dass Covid-19-Tests falsch positive Ergebnisse

liefern, was erhebliche Auswirkungen auf den Einzelnen, das Gesundheitssystem und die Gesellschaft hat".

Die Zusammenfassung des Gerichts zur Entscheidung gegen die Berufung der regionalen Gesundheitsbehörde lautet wie folgt:

"Angesichts der von Experten, d.h. denjenigen, die eine Rolle spielen, geäußerten wissenschaftlichen Zweifel an der Zuverlässigkeit der PCR-Tests, angesichts des Mangels an Informationen über die analytischen Parameter der Tests und in Ermangelung einer ärztlichen Diagnose, die das Vorhandensein einer Infektion oder eines Risikos belegt, kann dieses Gericht niemals feststellen, ob C tatsächlich ein Träger des SARS-CoV-2-Virus war, oder ob A, B und D einem hohen Risiko ausgesetzt waren."

1. Klageantrag zu 2 a (viele falsch-positive Testergebnisse)

Bereits die obigen Darlegungen belegen, daß - anders als die Beklagten behaupten – der Kläger nicht lügt, sondern zutreffende Erklärungen abgibt, wenn er erklärt, dass bei niedriger Prävalenz (der Häufigkeit dieser Krankheit in einer bestimmten Gruppe von Menschen) von COVID-19 unter den mit einem SARS-CoV-2 PCR-Test getesteten Menschen in Deutschland ein großer Anteil der von Politik und Verwaltung gefällten schwerwiegenden Entscheidungen auf falsch-positiven Testergebnissen beruht. Lediglich vorsorglich erläutert der Kläger deshalb weiter, detailliert auf die konkreten Vorwürfe der Beklagten eingehend, daß sich dies sich schon aus folgender Feststellung im CDC-Dokument Anlage K 7 ergibt:

"• Positive and negative predictive values are highly dependent on prevalence. False negative test results are more likely when prevalence of disease is high. False positive test results are more likely when prevalence is moderate to low."

Übersetzung:

„Positive und negative Vorhersagewerte sind stark abhängig von der Prävalenz. Falsch-negative Ergebnisse sind wahrscheinlicher wenn die Prävalenz der Erkrankung hoch ist. Falsch-positive Ergebnisse sind wahrscheinlicher wenn die Prävalenz der Erkrankung niedrig ist."

Unter Prävalenz ist die Häufigkeit einer bestimmten Krankheit in einer bestimmten Gruppe von Menschen zu verstehen:

Der Kläger hat also in seinem Beitrag die Auffassung vertreten, welche auch vom amerikanischen CDC vertreten wird und somit keineswegs „gelogen". Denn bei niedriger Häufigkeit von COVID-19 in einer bestimmten Gruppe von Menschen (hier: den Getesteten in Deutschland) sind viele falsch-positive Ergebnisse wahrscheinlich.

Wie hoch diese Wahrscheinlichkeit ist hat die renommierte Zeitschrift „Ärzteblatt" in Heft 24 vom 12. Juni 2020 im Artikel „PCR-Tests auf SARS-CoV-2 - Ergebnisse richtig interpretieren"

Anlage K 9 („Ärzteblatt", Heft 24 vom 12. Juni 2020 mit Artikel „PCR-Tests auf SARS-CoV-2 - Ergebnisse richtig interpretieren")

dargelegt:

> *„RT-PCR-Tests weisen virale RNA nach. Für die operative Zuverlässigkeit des Tests selbst sind die Sensitivität und die Spezifität wesentliche Parameter. Die Sensitivität ist der Prozentsatz, mit dem eine erkrankte Person als positiv getestet wird. Ein Test mit einer Sensitivität von 98 % identifiziert 98 von 100 Infektionen und 2 nicht. Die Kehrseite eines hoch sensitiven Tests: Er kann viele falsch-positive Befunde liefern, wenn er nicht spezifisch genug ist.*
>
> *Die Spezifität ist der Prozentsatz, zu dem nicht infizierte Personen als gesund erkannt werden. Ein Test mit einer Spezifität von 95 % liefert bei 5 von 100 Gesunden ein falsch-positives Ergebnis. Bei Angaben zu Sensitivität und Spezifität der in Deutschland verwendeten PCR-Tests halten sich sowohl das Robert Koch-Institut als auch das nationale Konsiliarlabor am Institut für Virologie der Charité bedeckt. Die oft zitierte, nahezu 100-prozentige Sensitivität unter Laborbedingungen dürfte in der Praxis nie erreicht werden, schon weil beim Testen selbst erhebliche Unsicherheitsfaktoren hinzukommen.* [....]"
>
> „[....] *Vortestwahrscheinlichkeit: Um die wirkliche Erkrankungswahrscheinlichkeit, ausgedrückt als positiver oder negativer Vorhersagewert nach einem Test, zu beurteilen, sollten Ärzte die Vortestwahrscheinlichkeit hinzuziehen (das gilt nicht nur für COVID-19). Das geschätzte Risiko für die Erkrankung ergibt sich zum einen durch die klinische Einschätzung der betroffenen Person und ihres Umfeldes: Hatte die Kontakt mit Infizierten, kommt sie aus einem Risikogebiet?*
>
> *Sind ihr Alter, die Symptome und Befunde mit COVID-19 vereinbar? Bestehen Vorerkrankungen, kommen Differenzialdiagnosen infrage? Des Weiteren ist die Prävalenz der Erkrankung in der Population relevant. Im Patientengut eines Allgemeinarztes in der Uckermark wird die Prävalenz von COVID-19 von vornherein niedriger zu schätzen sein als in einem Altersheim mit bereits einigen infizierten Bewohnern. Um den starken Einfluss der geschätzten Prävalenz auf den Vorhersagewert deutlich zu machen, seien Prävalenzen von SARS-CoV-2-Infektionen von 3 %, 20 % und 80 % gegenübergestellt: Unter 1 000 Personen würde es in diesen Fällen 30, 200 oder 800 Infizierte geben. Die Autoren im BMJ mutmaßen, das der RT-PCR-Test eine Sensitivität von 70 % und eine Spezifität von 95 % aufweist."*
>
> ***SARS-CoV-2-Prävalenz 3 % (z. B. Hausarztpraxis):*** *Richtig positiv getestet werden 21 von 30 infizierten Personen, falsch negativ sind damit 9 Ergebnisse. Richtig als gesund erkannt werden 921 von 970 Personen, falsch positiv bleiben 49. Der positive Vorhersagewert errechnet sich als Quotient aus der Zahl der richtig positiv Getesteten (21) und der Summe aller Personen mit positivem Testergebnis (21 + 49 = 70). Er ist mit 0,30 erschreckend gering – 70 % der als positiv getesteten Personen sind gar nicht positiv, ihnen wird aber Quarantäne verordnet. Der negative Vorhersagewert*

als Quotient aus der Zahl der richtig negativ Getesteten 921 und der Summe aller Personen mit negativem Testergebnis (921 + 9 = 930) ist hingegen 0,99, also sehr gut.[...]"

Damit ist weiter und konkret bezogen auf die Behauptungen der Beklagten klargestellt, dass die Aussage des Klägers, dass bei einer Prävalenz 1,7% von COVID-19 in den Getesteten ein großer Anteil von schwerwiegenden Entscheidungen von Politik und Verwaltung auf (in diesem Szenario zu über 70 %) falsch-positiven Ergebnissen von SARS-Cov-2 PCR beruhen, wahr ist. Tatsächlich (s.o.) beträgt der Anteil sogar mindestens 97%.

2. Klageantrag zu 2 b (falsch-positive Testergebnisse)

Auch die Behauptung der Beklagten, Dr. med. Wolfgang Wodarg lüge, wenn er erklärt, dass die SARS-CoV-2 PCR-Tests sehr wahrscheinlich oft ein falsch-positives Ergebnis haben ist angesichts der obigen Darlegungen falsch und verletzt die Ehre und die Kreditwürdigkeit des Klägers.

3. Klageantrag zu 2 c (Infektionsnachweis und Ursächlichkeit für Krankheitssymptomen)

Auch die Aussage des Klägers, dass SARS-CoV-2 PCR-Tests auch wenn sie positiv sind noch nichts über das Vorhandensein von infektiösen Viren oder über deren Ursache für Krankheitssymptome aussagen, ist wahr, wie das oben Dargelegte ohne Weiteres belegt. Vorsorglich ergänzend:

Unten auf Seite 33 des CDC-Dokuments Anlage K 7 heißt es:

> "*Detection of viral RNA may not indicate the presence of infectious virus or that 2019-nCoV is the causative agent for clinical symptoms.*"

Übersetzt:

> *„Auffinden viraler RNA weist nicht auf das Vorhandensein eines infektiösen Virus oder 2019 -nCOV als kausales Agens der klinischen Symptome hin."*

Als Agens bezeichnet man in diesem Zusammenhang einen krankmachenden Faktor.

Dies bedeutet im Klartext nichts anderes als dass das amerikanische CDC bestätigt, dass das Auffinden viraler RNA nicht auf das Vorhandensein eines *infektiösen* Virus hinweist. Mit viraler RNA ist dabei <u>nicht</u> das vollständige Erbgut des Virus SARS-CoV-2 (im Dokument noch „2019-nCOV" genannt) gemeint, sondern nur diejenigen, kurzen Abschnitte der RNA, die durch den PCR-Test „gefunden" werden.

Ein infektiöses Virus kann in diesem Zusammenhang nur ein solches sein welches sich vervielfältigen (replizieren) kann. Kurz: Der PCR-Test findet lediglich kurze „Schnipsel" aus dem Genom des Virus. Man kann dabei nicht sagen ob diese von in ausreichender Menge vorhandenem replikationsfähigem und dadurch infektiösem Virus (mit intaktem Genom) stammen.

Die zitierte Aussage aus dem CDC-Dokument stellt auch klar, dass das amerikanische CDC bestätigt, dass vom Auffinden viraler RNA nicht auf SARS-CoV-2 als kausal krankmachendem – also für etwaige klinische Symptome verantwortlichen - Virus geschlossen werden darf.

4. Klageantrag zu 2 d (über ein Prozent falsch-positive Ergebnisse)

Unter Berücksichtigung der Ausführungen oben muss auch die Aussage des Klägers, dass (insbesondere) auch bei gesunden Jüngeren und Reiserückkehrern durchgeführte SARS-CoV-2 PCR-Tests zu über einem Prozent falsch-positiver Ergebnisse führen können, als wahr und erwiesen gelten.

Der Kläger äußerte sich in einem Beitrag auf Facebook vom 27. August 2020 wie folgt, und wie die obigen Ausführungen zeigen, wahrheitsgemäß:

Anlage K 10 (Facebook-Beitrag des Klägers vom 27. August 2020)

„IN EINER WOCHE FAST 1 MILLION PCR-TESTS in Deutschland: Diese Tests (von uns bezahlt) werden uneinheitlich, unterschiedlich genau und unter abenteuerlichen Bedingungen an allen erdenklichen Orten eingesammelt und von über 180 verschiedenen Laboren bewertet. Je mehr Tests, umso mehr auch falsch positive Ergebnisse.

Sie sind das Einzige, womit uns ein "Ansteigen der Fallzahlen" vorgegaukelt wird. Coronalügner machen uns jetzt Angst damit, dass auch bei gesunden Jüngeren und Reiserückkehrern "Infektionen" gefunden worden seien. Na klar, auch bei ihnen gibt es bis über 1% falsch Positive, aber die sind natürlich nicht infiziert. Hier die Zahlen aus dem letzten Bericht des RKI:

https://www.rki.de/DE/Content/InfAZ/N/Neuartiges_Coronavirus/Situationsberichte/2020-08-26-de.pdf?__blob=publicationFile“

Bei einer Falsch-Positiv-Quote von mindestens 70%, realistisch aber weit mehr als 90% kann an der Richtigkeit dieser Aussage kein Zweifel bestehen.

5. Klageantrag zu 2 e (angebliche Kreuzreaktionsaussage zum „Tönnies-Ausbruch“)

Der Kläger hat nicht behauptet, dass die zahlreichen positiven Ergebnisse von SARS-CoV-2 PCR-Tests im Juni 2020 bei Beschäftigten der Unternehmensgruppe Tönnies am Standort Rheda-Wiedenbrück als fehlerhafte Diagnostik infolge von Kreuzreaktionen der Tests mit Rindercoronaviren gelten müssen. Die Beklagten unterstellen dem Kläger diese Aussage in schmähender Absicht. Richtig ist, dass der Kläger auf seiner Internetseite www.wodarg.com unter dem 18. Juni 2020 ersichtlichen Beitrag veröffentlichte,

Anlage K 11 (Internet-Auftritt des Klägers mit Beitrag vom 18.06.2020)

in welchem es heißt:

> *„AKTUELLE FRAGE an die PCR-Spezialisten. Kann es sein, dass die vielen SARS-CoV-2-PCR— Positiven auf Schlachthöfen eine Folge von Kreuzreaktionen auf die in der Veterinärmedizin üblichen Corona-Impfungen sind? Gegen Coronaviren werden zum Beispiel folgende Schlachttiere geimpft Rinder (Kälber), Schweine, Geflügel. Aber auch Haustiere wie Hunde, Katzen oder Pferde werden gegen Coronaviren immunisiert."*

Der Kläger hat sich mit diesem Beitrag ersichtlich ausschließlich in *Frageform* an die Öffentlichkeit gewandt. Daraus kann und darf gerade nicht geschlossen werden das der Kläger eine diesbezügliche Aussage getätigt hat.

6. Klageantrag zu 2 f (Aussage zur nicht erfolgten Validierung des Tests)
Die Aussage des Klägers, dass der im Januar 2020 von Christian Drosten, dem Direktor des Instituts für Virologie der Charité Universitätsmedizin Berlin, und anderen entwickelte SARS-CoV-2 PCR-Test nicht (richtig) validiert wurde, ist wahr.

a.
Im streitgegenständlichen Beitrag der Beklagten vom 04. Oktober 2020 heißt es dazu:

> *„DIE TESTS SIND VALIDIERT*
>
> *Oft behaupten Pandemie-Leugner, die Tests wären gar nicht richtig "validiert" worden. Das ist falsch!*
>
> *Klären wir zuerst: Wie konnte Dr. Drosten hier in Deutschland eigentlich so schnell den PCR-Test "erfinden", wo der Ausbruch doch in China stattfand? Dr. Drosten sagt selbst im NDR-Podcast:*
>
> *‚Dieser Test ist gemacht worden zu einer Zeit, als wir selbst dieses Virus noch gar nicht im Land und auch nicht im Labor hatten.'*
>
> *Die Antwort ist ganz einfach: Wir leben nicht mehr im Mittelalter. Bereits sehr früh in der Pandemie lag das Genom von SARS-Cov-2 Online zum Download vor.*
>
> *Hier könnt ihr euch einfach z.B. das Genom des Virus ansehen, wie es aus einem Sample von Wuhan Seafood Market genommen wurde. Dort sind auch tausende weitere Gen-Sequenzen von verschiedenen Laboren gespeichert. Also das Virus gibt's definitiv, falls ihr euch das gefragt haben solltet.*
>
> *KEINE KREUZREAKTIVITÄT MIT BEKANNTEN ERKÄLTUNGS-CORONAVIREN*

Drosten und Co. haben sogar begonnen den Test zu entwickeln bevor die Gen-Sequenz überhaupt vorlag:

'Eigentlich haben wir sogar eine ganze Reihe von Testen gemacht, von Kandidatentesten. Und die sind auf der Basis des alten SARS-Coronavirus und einer riesengroßen Diversität von Fledermaus-Coronaviren gemacht worden, also die nächsten Verwandten, die alle in derselben Virusart liegen'

Nach Veröffentlichung der Gen-Sequenz:

'Und dann kam die Sequenz des neuen Coronavirus raus. Dann haben wir das abgeglichen. [...] Die haben wir dann weiter validiert, und zwar mit der Universität Hongkong, der Universität Rotterdam, der nationalen Public-Health-Organisation in London und unseren eigenen Patienten. Es ist eine sehr, sehr große Validierungsstudie durchgeführt worden. [...] Aber wir haben große Zahlen von echten Patientenproben – mit bekannt positiven Nachweisen anderer Coronaviren und auch alle anderen Erkältungsviren, die wir kennen, und davon jeweils eine ganze Anzahl für jedes einzelne Virus –, eine ganze Anzahl von Patientenproben, also Hunderte von Proben mitanderen Coronaviren und anderem Erkältungsvirus, haben wir getestet in diesem Test. Und nicht ein einziges Mal hat es da eine falsch positive Reaktion gegeben. (Quelle NDR Podcast)'

Also das Ganze wurde ausführlich von verschiedenen Instituten validiert. Das Ganze könnt ihr auch in diesem wissenschaftlichen Paper nachlesen."

Das Wort „diesem" aus dem letzten der zitierten Absätze ist dabei mit folgendem unter diesem Link veröffentlichten Artikel des Christian Drosten und anderen ("*Detection of 2019 novel coronavirus (2019-nCoV) by real-time RT-PCR*", Euro Surveillance, 2020; Band 25, 3. Ausgabe (Euro Surveillance 2020;25[3]:pii=2000045, nachfolgend manchmal auch „Drosten-Corman-Paper") verknüpft:

https://www.eurosurveillance.org/content/10.2807/1560-7917.ES.2020.25.3.2000045

Das Papier wird ergänzend übergeben als

Anlage K 12 (Corman [Drosten] et al: "*Detection of 2019 novel coronavirus (2019-nCoV) by real-time RT-PCR*", Euro Surveillance, 2020; Band 25, 3. Ausgabe (Euro Surveillance 2020;25[3]:pii=2000045)

b.

Die Beklagten beziehen sich offenbar wieder auf das bereits oben auf S. 14 ff auszugsweise zitierte Video des Klägers vom 13. März 2020 mit dem Titel „*How Dr. Wolfgang Wodarg sees the current Corona Pandemic*". Die Passagen, auf welche sich die Beklagten sich offenbar beziehen, sind nachfolgend wieder-gegeben (Minute 02:10 - 03:41).

Kläger: "*Was jetzt passiert ist in China - in Wuhan ist das größte Sicherheitslabor für Viren in ganz China. Das heißt da gibt es sehr viele Spezialisten, da gibt es Leute die*

kümmern sich den ganzen Tag nur um diese Dinge. Und die haben da offenbar- da gibt es ja auch 11 Millionen Einwohner, große Stadt, große Krankenhäuser, große Intensivabteilungen, da sind immer Leute die beatmet werden, immer Leute die Lungenentzündungen haben, hunderte wahrscheinlich - und die haben bei ein [paar] wenigen Patienten, das waren unter fünfzig Patienten, da haben die mal diese Viren untersucht und dann im Labor nachgeguckt wie ist die RNA und haben eine neue Sorte gefunden. Denen ist das aufgefallen.

Und wenn ein Virologe sowas findet dann tut er das in eine große Datenbank. Und diese Datenbank die ist dann zugänglich auch in Berlin zum Beispiel; die können wir überall dann an- ... die können die Wissenschaftler sich dann angucken. Und dann hat man hier in Berlin nachgeguckt, hat verglichen und hat dann versucht dort einen Test zu entwickeln um diese speziellen - angeblich neuen - Viren dort, diese neue Variante dann damit messen zu können. Und das ist - da gibt es ein Protokoll das hat Herr Drosten eingereicht bei der WHO und dieser Test ist dann sehr schnell zugelassen worden - normalerweise ist ein Test ein Medizinprodukt und muss validiert werden, das heißt er muss sehr genau kontrolliert werden. Was sagt dieser Test eigentlich? Was misst er eigentlich? Und dieses ist ein In-House-Test, der dort in der Charité entwickelt wurde, aber weil es keinen validierten Test gab und die große Panik entstand hat man dann gesagt, gut, dann benutzen wir den überall und dann hat der Drosten den zur Verfügung gestellt."

7. Nicht erfolgte Validierung des Drosten-Tests

Die Aussage des Klägers zur Validierung ist wahr, weil der so genannte Drosten-Test weder validiert wurde noch validierungsfähig ist.

a.

Das Drosten-Corman-Paper beschreibt eine (RT-) PCR-Methode zur Identifizierung des neuartigen Coronavirus SARS-CoV-2 (im Paper 2019-nCoV genannt), eines Virus, welches zu den SARS-ähnlichen Beta-Coronaviren gehört. Im Februar 2020 wurde das Coronavirus, das derzeit manchmal die Krankheit COVID-19 verursacht, von einem internationalen Konsortium von Virusexperten als SARS-CoV2 bezeichnet, weil es dem Coronavirus SARS-CoV-1, das manchmal im Jahr 2003 die SARS-Krankheit verbreitete, sehr ähnlich ist. Kurz gesagt beschreibt das Drosten-Corman-Paper „*... die Einrichtung und Validierung eines diagnostischen Arbeitsablaufs für das 2019-nCoV-Screening und die spezifische Bestätigung, der in Abwesenheit verfügbarer Virusisolate oder Original-Patientenproben konzipiert wurde. Design und Validierung wurden durch die enge genetische Verwandtschaft mit dem Virus SARS-CoV-1 von 2003 ermöglicht und durch den Einsatz der synthetischen Nukleinsäuretechnologie unterstützt*". Dieser von der WHO weltweit empfohlene Test wird in dieser Klage – und auch weltweit - auch als „Drosten-Test" bezeichnet.

b.

Die Reverse Transkriptions-Polymerase-Kettenreaktion (RT-PCR) ist eine wichtige biomolekulare Technologie zur schnellen Identifizierung seltener RNA-Moleküle. In einem ersten Schritt werden die in der Probe vorhandenen RNA-Moleküle umgekehrt transkribiert, um cDNA zu erhalten. Die cDNA wird dann in der Polymerase-Kettenreaktion unter Verwendung eines spezifischen Primerpaares und eines thermostabilen DNA-Polymerase-Enzyms amplifiziert. Die Technologie ist hochempfindlich und ihre Nachweisgrenze liegt theoretisch bei 1 Molekül cDNA. Die Spezifität der PCR wird durch biomolekulare Designfehler stark beeinflusst.

c.

Die im nachfolgenden Text in eckige Klammern gesetzte Zahlen beziehen sich auf Quellen, welche unter **mm. Literaturhinweise** im Einzelnen aufgelistet sind.

Die unbewiesene Annahme in dem Drosten-Corman-Paper ist, dass SARS-CoV-2 das einzige Virus aus der Gruppe der SARS-ähnlichen Beta-Coronaviren ist, welches derzeit Infektionen beim Menschen verursachen kann. Alle Personen, die positiv auf die im Drosten-Corman-Paper beschriebene RT-PCR testen, gelten somit als positiv für SARS-CoV-2. Die Sequenzen, auf denen ihre PCR-Methode basiert, sind in silico-Sequenzen, die von einem Labor in China [1] ermittelt wurden, da Drosten pp. zum Zeitpunkt der Entwicklung des PCR-Tests weder Kontrollmaterial von infektiösem ("live") oder inaktiviertem SARS-CoV-2, noch isolierte genomische RNA des Virus zur Verfügung stand. Der PCR-Test wurde daher unter Verwendung der Sequenz des SARS-CoV-1 als Kontrollmaterial für die Sarbeco-Komponente konzipiert, wie im Corman-Drosten paper auch ausgeführt:

> *"To obtain a preliminary assessment of analytical sensitivity, we used purified cell culture supernatant containing SARS-CoV strain Frankfurt-1 virions grown on Vero cells."*

Übersetzung:

> *"Um eine vorläufige Beurteilung der analytischen Sensitivität zu erhalten, verwendeten wir gereinigte Zellkulturüberstände, die auf Vero-Zellen gezüchtete SARS-CoV-Virionen des Stammes Frankfurt-1 enthielten."*

d.

Corman, Drosten et. al. haben bei Schaffung des Drosten-Tests schwere wissenschaftliche Fehler hinsichtlich des biomolekularen Designs der Primer, der PCR-Methode sowie der molekularen Validierung der im Drosten-Corman-Paper beschriebenen PCR-Produkte und -Methoden – versehentlich oder absichtlich - gemacht. Das Drosten-Corman-Paper selbst deutet darauf hin, dass dieser Test selbst unter kontrollierten Laborbedingungen eine große Anzahl falsch-positiver Ergebnisse erzeugen muss, was ihn als zuverlässige Viren-Screeningmethode beim Menschen völlig ungeeignet macht. Angesichts der weitreichenden globalen Implikationen dieses Test muss der Drosten-Test sofort rückwirkend als nicht validiert und unvalidierbar eingestuft Paper zurückgezogen werden. Entsprechende Bemühungen einer Reihe hoch angesehener internationaler Wissenschaftler laufen.

e.

Die Anforderungen an einen validationstauglichen PCT-Test sind:

aa.

Primer und Detection Probes:

Die Konzentration der Primer und Detection Probes muss im optimalen Bereich (100-200 nM) liegen;

Sie müssen spezifisch für das Ziel (= dem Gen, welches Sie amplifizieren wollen) sein;

Sie müssen einen optimalen Prozentsatz des GC-Gehalts im Verhältnis zu den gesamten Stickstoffbasen aufweisen (mindestens 40%, maximal 60%);

Für Virusdiagnostik müssen mindestens drei Primerpaare drei virale Gene nachweisen (vorzugsweise möglichst weit voneinander entfernt im viralen Genom).

bb.

Temperatur, bei der alle Reaktionen ablaufen:

DNA-Schmelztemperatur muss › 92° C sein;

DNA-Amplifikations-Temperatur (TaqPol-spezifisch);

Tm (die Schmelztemperatur [Annealing-Temperatur] eines Primers hängt von seiner Länge und seiner Zusammensetzung [GC-Gehalt] ab): Annealing-Temperatur (also die Temperatur, bei der die Primer und Detection Probes die Zielbindung/Ablösung erreichen) darf 2°C pro Primerpaar nicht überschreiten). Tm hängt stark vom GC-Gehalt der Primer ab.

cc.

Die Anzahl der Amplifikationszyklen (weniger als 35; vorzugsweise 25-30 Zyklen). Im Falle eines Virusnachweises werden bei ›35 Zyklen nur Signale detektiert, die nicht mit dem infektiösen Virus korrelieren, wie es durch Isolierung in Zellkultur bestimmt wurde [überprüft in 2];

dd.

Molekularbiologische Validierungen; amplifizierte PCR-Produkte müssen entweder durch Ausführen der Produkte in einem Gel mit einem DNA-Lineal oder durch direkte DNA-Sequenzierung validiert werden;

ee.

Positiv- und Negativkontrollen zur Bestätigung/Widerlegung des spezifischen Virusnachweises müssen existieren.

ff.

Es sollte eine Standardarbeitsanweisung (Standard Operational Procedure, SOP) zur Verfügung stehen, welche die oben genannten Parameter eindeutig spezifiziert – und zwar so, dass alle Laboratorien in der Lage sind, exakt die gleichen Testbedingungen einzurichten. Eine validierte universelle SOP ist unerlässlich, da sie einen Vergleich der Daten innerhalb der Länder und zwischen den Ländern ermöglicht

f.

Die Tauglichkeit des Drosten-Tests für eine Validierung unterliegt schon aus einem formalwissenschaftlichen Blickwinkel Bedenken:

aa.

In Tabelle 1 des Drosten-Corman-Papers werden falsche Abkürzungen aufgeführt. "nM" ist anzugeben - nicht "nm" (wird aber im Paper trotzdem angegeben; „nm“ steht nach internationalen Standards für "Nanometer" - was für eine chemische Konzentration unsinnig ist.

bb.

Es ist wissenschaftlicher Konsens, genetische Sequenzen immer in der 5'-3'-Richtung zu schreiben, einschließlich der Reverse Primer. Daher ist es höchst ungewöhnlich, Alignment mit reverser komplementärer Schreibweise der Primersequenz durchzuführen, wie es die Drosten et al. in Abbildung 2 ihres Papiers taten. Hier wird zusätzlich eine Wackelbasis als "y" markiert, ohne Beschreibung der Basen, für die das „y“ steht.

cc.

Zwei weitere irreführende Fallstricke des Drosten-Corman-Papers sind, dass ihre Tabelle 1 keine Tm-Werte (die Schmelztemperatur [Annealing-Temperatur] eines Primers) enthält und auch keine GC-Werte (Anzahl von G und C in den Sequenzen als %-Wert der Gesamtbasen) angibt.

g.

Die Tauglichkeit des Drosten-Tests für seine Validierung ist zudem aus wissenschaftlicher Sicht einem formal-wissenschaftlichen Blickwinkel Bedenken:

aa. Primer-Entwurf

Fehlerhafte Primerkonzentrationen:

Zuverlässige und genaue PCR-Testprotokolle werden normalerweise unter Verwendung von 100 nM bis 200 nM pro Primer erstellt.

Im Drosten-Corman-Paper finden sich ungewöhnlich hohe und variierende Primerkonzentrationen für mehrere Primer (Tabelle 1). Für die Primerpaare RdRp_SARSr-F und RdRp_SARSr-R werden 600 nM beziehungsweise 800 „nm" beschrieben. In ähnlicher Weise wird für die Primerpaare N_Sarbeco_F und N_Sarbeco_R 600 nM beziehungsweise 800 „nm" empfohlen. Es ist klar, dass diese Konzentrationen viel zu hoch sind, um optimale Konzentrationen für die spezifische Amplifikation von Zielgenen zu sein. Vielmehr führen diese Konzentrationen zu erhöhter unspezifischer Bindung und Amplifikation von PCR-Produkten, welche wiederrum zu einer undefinierbaren Quote von falsch-positiven Ergebnissen führen

Tabelle 1: Primer und Detection Probes (adaptiert vom Drosten-Corman-Paper; fehlerhafte Primerkonzentrationen sind hervorgehoben)

Assay/use	Oligonucleotide	Sequence[a]	Concentration[b]
RdRP gene	RdRp_SARSr-F	GTGARATGGTCATGTGTGGCGG	Use 600 nM per reaction
	RdRp_SARSr-P2	FAM-CAGGTGGAACCTCATCAGGAGATGC-BBQ	Specific for 2019-nCoV, will not detect SARS-CoV. Use 100 nM per reaction and mix with P1
	RdRP_SARSr-P1	FAM-CCAGGTGGWACRTCATCMGGTGATGC-BBQ	Pan Sarbeco-Probe will detect 2019-nCoV, SARS-CoV and bat-SARS-related CoVs. Use 100 nM per reaction and mix with P2
	RdRp_SARSr-R	CARATGTTAAASACACTATTAGCATA	Use 800 nM per reaction
E gene	E_Sarbeco_F	ACAGGTACGTTAATAGTTAATAGCGT	Use 400 nm per reaction
	E_Sarbeco_P1	FAM-ACACTAGCCATCCTTACTGCGCTTCG-BBQ	Use 200 nm per reaction
	E_Sarbeco_R	ATATTGCAGCAGTACGCACACA	Use 400 nm per reaction
N gene	N_Sarbeco_F	CACATTGGCACCCGCAATC	Use 600 nm per reaction
	N_Sarbeco_P	FAM-ACTTCCTCAAGGAACAACATTGCCA-BBQ	Use 200 nm per reaction
	N_Sarbeco_R	GAGGAACGAGAAGAGGCTTG	Use 800 nm per reaction

[a] W is A/T; R is G/A; M is A/C; S is G/C. FAM: 6-carboxyfluorescein; BBQ: blackberry quencher.
[b] Optimised concentrations are given in nanomol per litre (nM) based on the final reaction mix, e.g. 1.5 µL of a 10 µM primer stock solution per 25 µL total reaction volume yields a final concentration of 600 nM as indicated in the table.

Nicht spezifizierte ("wacklige") Primer- und Detection Probessequenzen:

Um reproduzierbare und vergleichbare Ergebnisse zu erhalten, ist es wichtig, die Primerpaare eindeutig zu definieren.

Im Drosten-Corman-Paper existieren gleich sechs unspezifizierte Positionen, welche durch die Buchstaben R, W, M und S gekennzeichnet sind (Tabelle 2).

Der Buchstabe W bedeutet, dass es an dieser Position entweder ein A oder ein T geben kann; R bedeutet, dass es entweder ein G oder ein A geben kann; M bedeutet, dass die Position entweder ein A oder ein C sein kann; der Buchstabe S bedeutet, dass es an dieser Position entweder ein G oder ein C geben kann.

Diese hohe Anzahl von Varianten ist nicht nur ungewöhnlich, sie ist auch für Laboratorien höchst verwirrend. Welche Primer sollten mit sechs nicht spezifizierten wackeligen Positionen entworfen werden? Es gibt auf der Grundlage des Papers 14 (!) Möglichkeiten, Primersequenzen zu entwerfen: 2 verschiedene RdRp_SARSr_F Primer + 8 verschiedene RdRp_SARS_P1 Primer + 4 verschiedene RdRp_SARSr_R Primer. Dadurch wird eine enorme Variabilität im Testdesign pro Labor eingeführt. Daher ist die verwirrende unspezifische Beschreibung im Drosten-Corman-Paper keineswegs als operatives Standardprotokoll geeignet. Diese nicht spezifizierten Positionen hätten eindeutig gestaltet werden müssen.

Tabelle 2: Primer und Detection Probes (nach Drosten-Corman-Paper; nicht spezifizierte ("wacklige") Nukleotide in den Primern sind hervorgehoben)

Assay/use	Oligonucleotide	Sequence[a]	Concentration[b]
RdRP gene	RdRp_SARSr-F	GTGARATGGTCATGTGTGGCGG	Use 600 nM per reaction
	RdRp_SARSr-P2	FAM-CAGGTGGAACCTCATCAGGAGATGC-BBQ	Specific for 2019-nCoV, will not detect SARS-CoV. Use 100 nM per reaction and mix with P1
	RdRP_SARSr-P1	FAM-CCAGGTGGWACRTCATCMGGTGATGC-BBQ	Pan Sarbeco-Probe will detect 2019-nCoV, SARS-CoV and bat-SARS-related CoVs. Use 100 nM per reaction and mix with P2
	RdRp_SARSr-R	CARATGTTAAASACACTATTAGCATA	Use 800 nM per reaction
E gene	E_Sarbeco_F	ACAGGTACGTTAATAGTTAATAGCGT	Use 400 nm per reaction
	E_Sarbeco_P1	FAM-ACACTAGCCATCCTTACTGCGCTTCG-BBQ	Use 200 nm per reaction
	E_Sarbeco_R	ATATTGCAGCAGTACGCACACA	Use 400 nm per reaction
N gene	N_Sarbeco_F	CACATTGGCACCCGCAATC	Use 600 nm per reaction
	N_Sarbeco_P	FAM-ACTTCCTCAAGGAACAACATTGCCA-BBQ	Use 200 nm per reaction
	N_Sarbeco_R	GAGGAACGAGAAGAGGCTTG	Use 800 nm per reaction

[a] W is A/T; R is G/A; M is A/C; S is G/C. FAM: 6-carboxyfluorescein; BBQ: blackberry quencher.
[b] Optimised concentrations are given in nanomol per litre (nM) based on the final reaction mix, e.g. 1.5 µL of a 10 µM primer stock solution per 25 µL total reaction volume yields a final concentration of 600 nM as indicated in the table.

Die Teststrategie innerhalb des WHO-Protokolls (Abbildung 1), die sich direkt aus der Eurosurveillance-Publikation ableitet, legt nahe: Zuerst das E-Gen, dann das RdRp-Gen als Kontrolle, welches im Drosten-Test a) Unsicherheit in der Vorwärts-Primer-Sonde; b) Unsicherheiten in der Rückwärts-Primer-Sonde und c) "Wackel"-Punkte an der zweiten RdRP-Primer-Sonde aufweist.

Die N-Gen-PCR, die ebenfalls aufgrund von Abbildung 1 etabliert wurde, wird weder in das PCR-Protokoll "für einen Routine-Workflow" noch in den Validierungs-Panel-Test einbezogen (Tabelle 2).

Wären alle drei Gen-PCRs durchgezogen worden, wäre dies ein gutes diagnostisches Werkzeug zum Nachweis von Virus-RNA gewesen. Dieser Drei-Schritte-Vorschlag würde jeden Fehler/jede Unsicherheit bei jedem Faltungsschritt in Bezug auf "Wackel"-Punkte minimieren, bis nichts mehr übrig bleibt.

Da im Drosten-Corman-Paper und im entsprechenden offiziellen WHO-Protokoll jedoch nur zwei Gene für den Routineablauf empfohlen wurden, wurden in fast allen Testverfahren weltweit nur zwei Primer-Matches statt aller drei verwendet. Darüber hinaus weisen diese Gene die Unsicherheit auf, dass sie innerhalb der nahe verwandten Viren sehr ähnliche Gensequenzen aufweisen, also nicht sichergestellt ist, dass die PCR hochspezifisch nur SARS-CoV-2 erkennt.

Die ungewöhnlichen Wackelbasen haben bereits zu einer Quelle der Besorgnis in der Fachwelt geführt und zu einem Leserbrief von Pillonel et al. [10] über eklatante Fehler in den beschriebenen Sequenzen. Diese Fehler sind auch in der Beilage von Corman et al. offensichtlich.

Abbildung 1: Eine 3-stufige Verifikation, die jedoch nur auf den E- und RdRp-Genen basiert, wird in der offiziellen WHO-Protokollempfehlung [8] beschrieben, ist aber in der Eurosurveillance-Publikation nicht so angegeben, wie sie es sein sollte.

Background
We used known SARS- and SARS-related coronaviruses (bat viruses from our own studies as well as literature sources) to generate a non-redundant alignment (excerpts shown in Annex). We designed candidate diagnostic RT-PCR assays before release of the first sequence of 2019-nCoV. Upon sequence release, the following assays were selected based on their matching to 2019-nCoV as per inspection of the sequence alignment and initial evaluation (Figures 1 and 2).

All assays can use SARS-CoV genomic RNA as positive control. Synthetic control RNA for 2019-nCoV E gene assay is available via EVAg. Synthetic control for 2019-nCoV RdRp is expected to be available via EVAg from Jan 21st onward.

First line screening assay: E gene assay
Confirmatory assay: RdRp gene assay

bb.

Die Auswirkungen eines fehlerhafte GC-Gehaltes wurden bereits oben in Zusammenhang mit der Annealing-Temperatur dargelegt.

cc.

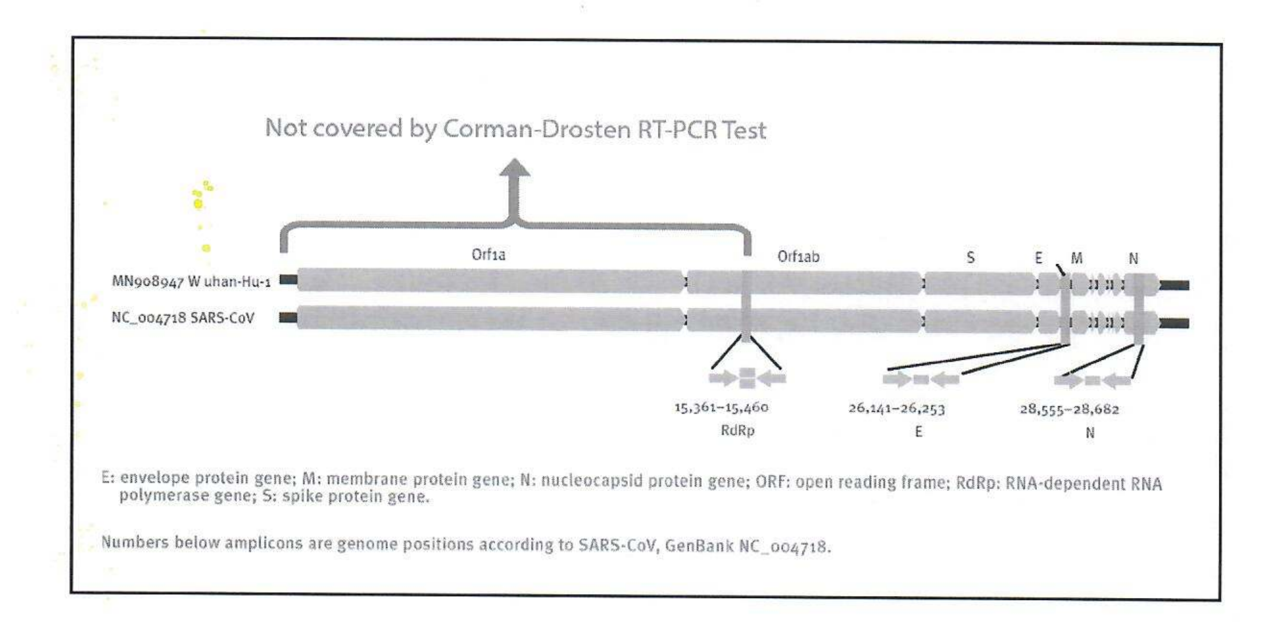
Nachweis von Teilen des Genoms von SARS-CoV-2

Für eine Bestätigungsdiagnose eines spezifischen Virus müssen mindestens 3 Primerpaare eingesetzt werden, um 3 virusspezifische Gene nachzuweisen. Vorzugsweise sollten diese Gene möglichst weit voneinander entfernt im viralen Genom gefunden werden (entgegengesetzte Enden eingeschlossen). Obwohl das Drosten-Corman-Paper 3 Primer beschreibt, decken diese Primer nur etwa die Hälfte des Virusgenoms ab. Selbst wenn man also in einer Probe drei positive Signale erhält (d.h. die drei Primerpaare ergeben 3 verschiedene Amplifikationsprodukte), ist dies kein Beweis für das Vorhandensein von SARS-COV-2.

Ein besseres Primerdesign wären terminale (auf das jeweilige Ende des Genoms zielende) Primer auf beiden Seiten des Virusgenoms gewesen. Dies, weil damit theoretisch das gesamte virale Genom abgedeckt wäre und drei positive Signale dabei helfen könnten, um besser zwischen dem möglichen Vorliegen eines vollständigen (und damit potenziell infektiösen) Virusgenoms und dem Vorliegen von fragmentierten viralen Genomteilen (ohne infektiöse Potenz) unterscheiden könnten.

Um nach internationalem Standard einen validen Schluss auf eine mögliche Infektiosität zulassen zu können, hätte das Orf1-Gen, welches für das essentielle Replikase-Enzym der SARS-CoV-Viren kodiert, als Ziel aufgenommen werden müssen. Die Positionierung der Targets in der Region des viralen Genoms, die am stärksten und variabelsten transkribiert wird, ist eine weitere schwere Schwachstelle des Drosten-Tests. Kim et al. zeigen eine hochvariable 3'-Expression der subgenomischen RNA in Sars-CoV-2 [11]. Diese RNAs werden als Signaturen für asymptomatische und nicht infektiöse Patienten aktiv überwacht [12].

Abbildung 2: Relative Positionen von Amplikon-Targets auf dem SARS-Coronavirus und dem 2019 neuartigen Coronavirus-Genom. ORF: offener Leserahmen; RdRp: RNA-abhängige RNA-Polymerase. Zahlen unterhalb von Amplikon sind Genompositionen gemäß SARS-CoV, NC_004718 [1];



E: envelope protein gene; M: membrane protein gene; N: nucleocapsid protein gene; ORF: open reading frame; RdRp: RNA-dependent RNA polymerase gene; S: spike protein gene.

Numbers below amplicons are genome positions according to SARS-CoV, GenBank NC_004718.

dd. Temperatur, bei der alle Reaktionen ablaufen

Die Annealing-Temperatur bestimmt, bei welcher Temperatur sich der Primer an die Zielsequenz anlagert beziehungsweise von ihr ablöst. Für eine effiziente und spezifische Amplifikation sollte der GC-Gehalt der Primer mindestens 40% und höchstens 60% betragen. Wie in Tabelle 3 angegeben liegen drei der im Drosten-Corman-Paper beschriebenen Primer nicht innerhalb des normalen Bereichs für den GC-Gehalt.

Zwei Primer (RdRp_SARSr_F und RdRp_SARSr_R) weisen einen ungewöhnlichen und sehr niedrigen GC-Wert von 28-31% für alle möglichen Varianten von Taumelbasen auf, wohingegen Primer E_Sarbeco_F einen GC-Wert von 34,6% aufweist (Tabelle 3 und untere Tafel von Tabelle 3).

Es ist zu beachten, dass der GC-Gehalt aufgrund seiner drei Wasserstoffbrückenbindungen in der Basenpaarung die Bindung an sein spezifisches Ziel weitgehend bestimmt. Je geringer also der GC-Gehalt des Primers, desto geringer ist seine Bindungsfähigkeit an seine spezifische Zielgensequenz (d.h. das nachzuweisende Gen). Das heißt, damit eine Zielsequenz erkannt wird, ist eine Temperatur zu wählen, die möglichst nahe an der tatsächlichen Annealing-Temperatur liegt (Best-Practice-Wert), damit sich der Primer nicht wieder ablöst und gleichzeitig auch die Zielsequenz spezifisch angreift.

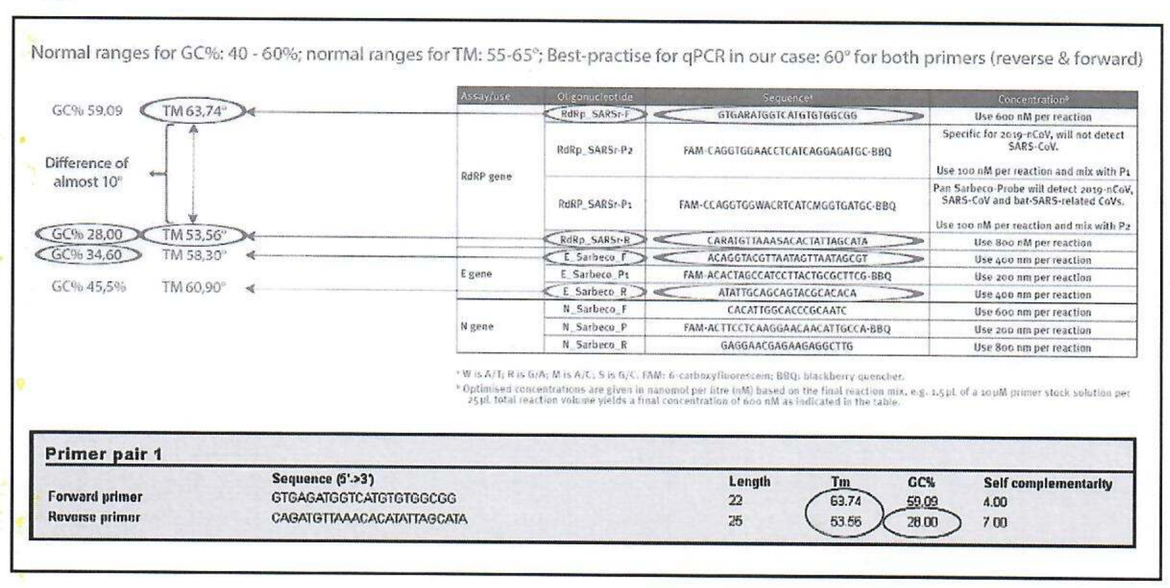
Wenn der Tm-Wert sehr niedrig ist, wie vorliegend bei allen Wobble-Varianten der RdRp-Reverse-Primer beobachtet, können sich die Primer unspezifisch an mehrere Targets binden, was die Zuverlässigkeit des Tests weiter verringert. Die Annealing-Temperatur (Tm) ist entscheidend und wesentlich für die Bewertung der Genauigkeit von qPCR-Protokollen. Beste Praxis: Beide Primer (vorwärts und rückwärts) sollten einen fast ähnlichen Wert haben, vorzugsweise den exakt gleichen Wert.

Verwendet man die frei verfügbare Primer-Designsoftware Primer-BLAST [9], um die Best-Practice-Werte für alle im Drosten-Corman-Paper verwendeten Primer zu testen (Tabelle 3 und Bodenplatte), zum zu versuchen, einen Tm-Wert von 60° C zu finden, während man

in ähnlicher Weise den höchstmöglichen GC%-Wert für alle Primer anstrebt (dabei wurde ein maximaler Tm-Unterschied von 2° C innerhalb der Primerpaare als akzeptabel erachtet), beobachtet man eine Differenz von 10° C w.r.t. der Glühtemperatur - e Tm für Primerpaar 1 (RdRp_SARSr_F und RdRp_SARSr_R).

Dies ist ein sehr schwerwiegender Designfehler und macht den Drosten-Test nutzlos.

Tabelle 3: GC-Gehalt der Primer und Detection Probes (adaptiert von Drosten-Corman-Paper; Aberrationen von optimierten GC-Gehalten sind hervorgehoben. Untere Tafel: Berechnete GC und Tm für Primerpaar1 (RdRp_SARSr_F und RdRp_SARSr_R) mit R = G und S = C).


Normal ranges for GC%: 40 - 60%; normal ranges for TM: 55-65°; Best-practise for qPCR in our case: 60° for both primers (reverse & forward)

Assay/use	Oligonucleotide	Sequence*	Concentration*
RdRP gene	RdRp_SARSr-F	GTGARATGGTCATGTGTGGCGG	Use 600 nM per reaction
	RdRp_SARSr-P2	FAM-CAGGTGGAACCTCATCAGGAGATGC-BBQ	Specific for 2019-nCoV, will not detect SARS-CoV. Use 100 nM per reaction and mix with P1
	RdRP_SARSr-P1	FAM-CCAGGTGGWACRTCATCMGGTGATGC-BBQ	Pan Sarbeco-Probe will detect 2019-nCoV, SARS-CoV and bat-SARS-related CoVs. Use 100 nM per reaction and mix with P2
	RdRp_SARSr-R	CARATGTTAAASACACTATTAGCATA	Use 800 nM per reaction
E gene	E_Sarbeco_F	ACAGGTACGTTAATAGTTAATAGCGT	Use 400 nm per reaction
	E_Sarbeco_P1	FAM-ACACTAGCCATCCTTACTGCGCTTCG-BBQ	Use 200 nm per reaction
	E_Sarbeco_R	ATATTGCAGCAGTACGCACACA	Use 400 nm per reaction
N gene	N_Sarbeco_F	CACATTGGCACCCGCAATC	Use 600 nm per reaction
	N_Sarbeco_P	FAM-ACTTCCTCAAGGAACAACATTGCCA-BBQ	Use 200 nm per reaction
	N_Sarbeco_R	GAGGAACGAGAAGAGGCTTG	Use 800 nm per reaction

* W is A/T; R is G/A; M is A/C; S is G/C. FAM: 6-carboxyfluorescein; BBQ: blackberry quencher.

* Optimised concentrations are given in nanomol per litre (nM) based on the final reaction mix, e.g. 1.5 µL of a 10 µM primer stock solution per 25 µL total reaction volume yields a final concentration of 600 nM as indicated in the table.

Primer pair 1

	Sequence (5'->3')	Length	Tm	GC%	Self complementarity
Forward primer	GTGAGATGGTCATGTGTGGCGG	22	63.74	59.09	4.00
Reverse primer	CAGATGTTAAACACATATTAGCATA	25	53.56	28.00	7.00

Zusätzliche Tests mit dieser Methode zeigten, dass nur das Primerpaar zur Amplifikation des N-Gens (N_Sarbeco_F und N_Sarbeco_R) den adäquaten Standard für einen diagnostischen Test erreicht, da es einen ausreichenden GC-Gehalt aufweist und die Tm-Differenz zwischen den Primern (N_Sarbeco_F und N_Sarbeco_R) 1,85° C beträgt (unterhalb des entscheidenden Maximums von 2° C Differenz). Zusätzlicher Hinweis: Dies ist das Gen, das weder in den Virusproben (Tabelle 2) getestet, noch als Bestätigungstest beschrieben wird.

Zusätzlich zu den stark variablen Schmelztemperaturen und degenerierten Sequenzen in diesen Primern sind die dNTPs (0,4uM) 2X höher als für die hochspezifische Amplifikation empfohlen. Der Reaktion wird zusätzlich Magnesiumsulfat zugesetzt. Dies kann in Kombination mit einer niedrigen Annealing-Temperatur zu unspezifischer Amplifikation führen. Wenn zusätzliches Magnesium für die qPCR benötigt wird, sollte die Spezifität des Assays weiter untersucht werden.

Bereits die hier beschriebenen Designfehler sind für sich genommen so schwerwiegend, dass eine spezifische Amplifikation von SARS-CoV-2 nach dem Protokoll des Drosten-Corman-Papers als nahezu ausgeschlossen gelten kann.

ee. Die Anzahl der Amplifikationszyklen

Es sei darauf hingewiesen, dass im Drosten-Corman-Paper nirgends erwähnt wird, ab welchen Werten ein Test positiv oder negativ ist. Die Art von Tests muss auf einer SOP basieren welche eine validierte und festgelegt Anzahl von PCR-Zyklen (Ct-Wert) nennt, welche festlegen, ab wann ein Testergebnis als positiv oder negativ zu bewerten ist. Der maximale, noch halbwegs zuverlässige Ct-Wert beträgt 30 Zyklen (s.o.). Oberhalb eines Ct-Wertes von 35 Zyklen muss eine erheblich zunehmende Anzahl falsch positiver Ergebnisse berücksichtigt werden. PCR-Daten, die nach einem Ct-Wert von 35 Zyklen als positiv bewertet werden, sind völlig unzuverlässig. In der Tat zeigen wissenschaftliche Studien, dass nur nicht infektiöse (tote) Viren mit Ct-Werten von 35 nachgewiesen werden [2]. Zwischen 30 und 35 gibt es eine Grauzone, in der ein positiver Test nicht mit Sicherheit festgestellt werden kann. Dieser Bereich sollte ausgeschlossen werden. Natürlich könnte man 45 PCR-Zyklen durchführen, wie es das Drosten-Corman-Paper empfiehlt (Abbildung 2), aber dann muss man auch einen „vernünftigen" Ct-Wert definieren (der 30 nicht überschreiten sollte). Ein Analysenergebnis mit einem Ct-Wert von 45 ist wissenschaftlich und diagnostisch absolut bedeutungslos. All dies hätte im Paper kommuniziert werden müssen (was – versehentlich oder absichtlich - unterblieben ist).

Es ist ein großer Fehler, dass das Drosten-Corman-Paper diese Ct-Schwellenwerte überhaupt nicht erwähnt - auch nicht in zusätzlichen Einreichungen und offiziellen Veröffentlichungen/Nachträgen.

Abbildung 3: Empfohlener RT-PCR-Kit - wie in der offiziellen Drosten-Corman WHO-Empfehlung [8] angegeben. Es ist lediglich ein "Cycler"-Wert (Zyklen) ohne entsprechenden und wissenschaftlich sinnvollen Ct (Cutoff-Wert) angegeben. Dies verhält sich auch im Drosten-Corman-Paper so.

3. Discrimatory assay

RdRp assay:

MasterMix:	Per reaction	
H_2O (RNAse free)	1.1 µl	
2x Reaction mix*	12.5 µl	
$MgSO_4$(50mM)	0.4 µl	
BSA (1 mg/ml)**	1 µl	
Primer RdRP_SARSr-F2 (10 µM stock solution)	1.5 µl	GTGARATGGTCATGTGTGGCGG
Primer RdRP_SARSr-R1 (10 µM stock solution)	2 µl	CARATGTTAAASACACTATTAGCATA
Probe RdRP_SARSr-P2 (10 µM stock solution)	0.5 µl	FAM-CAGGTGGAACCTCATCAGGAGATGC-BBQ
SSIII/Taq EnzymeMix*	1 µl	
Total reaction mix	20 µl	
Template RNA, add	5 µl	
Total volume	25 µl	

* Thermo Fischer/Invitrogen: SuperScriptIII OneStep RT-PCR System with Platinum® Taq DNA Polymerase
** MgSO4 (50 mM) [Sigma], This component is not provided with the OneStep RT-PCR kit
*** non-acetylated [Roche].

Cycler:
55°C 10'
94°C 3'
94°C 15"
58°C 30" 45x

ff. Unterbliebene molekularbiologische Validierungen

Um festzustellen, ob es sich bei den amplifizierten Produkten tatsächlich um Teile des SARS-CoV-2-Genoms handelt, ist eine biomolekulare Validierung der PCR-Produkte unerlässlich. Für einen diagnostischen Test ist diese Validierung ein absolutes Muss.

Die Validierung der PCR-Produkte sollte durchgeführt werden, indem man entweder das PCR-Produkt in einem 1%igen Agarose-EtBr-Gel zusammen mit einem Größenindikator (DNA-Lineal oder DNA-Leiter) laufen lässt, so dass die Größe des Produkts abgeschätzt werden kann. Die Größe muss der berechneten Größe des Amplifikationsprodukts entsprechen. Noch besser ist es jedoch, das Amplifikationsprodukt zu sequenzieren. Letzteres gibt 100% Sicherheit über die Identität des Amplifikationsprodukts. Ohne molekulare Validierung kann man sich über die Identität der amplifizierten PCR-Produkte nicht sicher sein. In Anbetracht der oben beschriebenen schweren Designfehler können die PCR-Produkte alles sein.

Bei kleinen Fragmenten der qPCR (ca. 100bp) wird zusätzlich ein weiterer Aspekt im Drosten-Corman-Paper nicht erwähnt:

Es kann entweder ein 1,5% Agarosegel oder sogar ein Acrylamidgel sein.

Dass die PCR-Produkte des Drosten-Tests nicht auf molekularer Ebene validiert wurden, ist ein weiterer schwerer Fehler und macht den Test nutzlos.

gg. Positiv- und Negativkontrollen zur Bestätigung/Widerlegung des spezifischen Virusnachweises

Die unbestätigte Annahme, die dem im Drosten-Corman-Paper beschriebenen Test zugrunde liegt, ist, dass SARS-CoV-2 das einzige Virus aus der SARS-ähnlichen Beta-Coronavirus-Gruppe ist, das derzeit Infektionen beim Menschen verursacht. Die Sequenzen, auf denen ihre PCR-Methode basiert, sind in silico-Sequenzen, die von einem Labor in China [1] geliefert wurden, da zum Zeitpunkt der Entwicklung des PCR-Tests kein Kontrollmaterial von infektiösem ("live") oder inaktiviertem SARS-CoV-2 für die Autoren zur Verfügung stand. Der PCR-Test wurde daher unter Verwendung der Sequenz des bekannten SARS-CoV als Kontrollmaterial für die Sarbeco-Komponente konzipiert (Dr. Adam Meijer, Co-Autor des Drosten-Corman-Papers in einem E-Mail-Austausch mit Dr. Peter Borger).

Bei allen Personen, die positiv auf den RT-PCR-Test, wie im Drosten-Corman-Paper beschrieben, getestet werden, wurde angenommen, dass sie mit SARS-CoV- infiziert Infektionen reagieren. Diese Annahme ist mit drei schweren Fehlern behaftet.

Erstens kann ein positiver Test auf die im Drosten-Corman-Paper beschriebenen RNA-Moleküle nicht mit einer "Infektion mit einem Virus" gleichgesetzt werden. Ein positiver RT-PCR-Test zeigt lediglich das Vorhandensein von viralen RNA-Molekülen an. Wie schon oben erwähnt war der Drosten-Test nicht für den Nachweis des Virus in voller Länge, sondern bestenfalls (hätte es seine anderen schweren, ihn unbrauchbar machenden Mängel nicht gegeben) nur für den Nachweis eines Fragments des Virus ausgelegt.

Zweitens konnte keine echte spezifische Positivkontrolle - bei der es sich um die SARS-CoV-2-RNA gehandelt haben muss - zuverlässige Ergebnisse liefern.

Drittens heißt es im Drosten-Corman-Paper:

> *"Um zu zeigen, dass die Assays auch andere Fledermaus-assoziierte SARS-verwandte Viren nachweisen können, haben wir mit dem E-Gen-Assay sechs von Fledermäusen stammende Kotproben getestet, die von Drexler et al. [...] und Muth et al. [...] zur Verfügung stehen. Diese viruspositiven Proben stammten von europäischen Nashornfledermäusen. Der Nachweis dieser phylogenetischen Ausreißer innerhalb der SARS-verwandten CoV-Kategorie lässt vermuten, dass wahrscheinlich alle asiatischen Viren nachgewiesen werden. Dies würde theoretisch eine breite Sensitivität selbst im Falle mehrerer unabhängiger Akquisitionen von Virusvarianten aus einem Tierreservoir gewährleisten".*

Diese Aussage zeigt, dass das im RT-PCR-Test verwendete E-Gen, wie im Drosten-Corman-Paper beschrieben, nicht spezifisch für SARS-CoV-2 ist. Die E-Gen-Primer weisen auch ein breites Spektrum anderer SARS-Viren nach.

Das Genom des Coronavirus ist das größte aller RNA-Viren, die den Menschen infizieren, und sie haben alle eine sehr ähnliche molekulare Struktur. Dennoch haben SARS-CoV-1 und SARS-CoV-2 zwei hochspezifische genetische Fingerabdrücke die sie von den anderen Coronaviren unterscheiden. Es ist eine einzigartige Fingerabdruck-Sequenz (KTFPPTEPTEPKKDKKKK) im N-Protein von SARS-CoV-1 und SARS-CoV-2 vorhanden [3, 4, 5]. Zweitens enthalten sowohl SARS-CoV-1 als auch SARS-CoV-2 das HE-Protein nicht, während alle anderen Coronaviren dieses Gen besitzen [3, 4, 5]. Um also ein SARS-CoV-1- und SARS-CoV-2-PCR-Produkt spezifisch nachzuweisen, hätte die obige Region im N-Gen das Amplifikationsziel sein müssen. Ein zuverlässiger diagnostischer Test sollte sich auf diese spezifische Region im N-Gen konzentrieren. Und gerade die PCR für dieses N-Gen wurde vom Drosten-Corman-Paper weder weiter validiert noch als Testgen empfohlen, weil sie mit der SARS-CoV-Originalsonde "nicht so empfindlich" sei.

Darüber hinaus macht das Fehlen des HE-Gens sowohl bei SARS-CoV-1 als auch bei SARS-CoV-2 dieses Gen zur idealen Negativkontrolle, um andere Coronaviren auszuschließen. Das Drosten-Corman-Paper enthält weder diese Negativkontrolle, noch enthält es andere Negativkontrollen. Der PCR-Test im Drosten-Corman-Paper enthält daher weder eine einzige Positivkontrolle noch eine Negativkontrolle, um das Vorhandensein anderer Coronaviren auszuschließen. Dies ist ein weiterer wesentlicher Konstruktionsfehler, der den Test für die Diagnose ungeeignet und unvalidierbar macht.

hh. Die Standardarbeitsanweisung (SOP) ist nicht verfügbar.

Es sollte eine Standardarbeitsanweisung (Standard Operational Procedure, SOP) zur Verfügung stehen, die die oben genannten Parameter eindeutig spezifiziert, so dass alle Laboratorien in der Lage sind, exakt die gleichen Testbedingungen einzurichten. Eine validierte universelle SOP ist unerlässlich, da sie einen Vergleich der Daten innerhalb der Länder und zwischen den Ländern ermöglicht. Es ist sehr wichtig, alle Primer-Parameter eindeutig zu spezifizieren. Dies ist beim Drosten-Test nicht geschehen. Außerdem ist der Ct-

Wert, der angibt, wann eine Probe als positiv oder negativ zu betrachten ist, nicht spezifiziert. Es wird auch nicht angegeben, wann eine Probe als mit SARS-CoV-Viren infiziert gilt. Wie oben gezeigt, kann der Test nicht zwischen Virus und Virusfragmenten unterscheiden, daher ist der Ct-Wert, der die Bewertung des Tests als positiv auslöst, besonders wichtig. Dieser Ct-Wert hätte in der Standard-Arbeitsanweisung (SOP) beschrieben werden müssen, die online gestellt hätte werden müssen, so dass alle Laboratorien, die diesen Test durchführen, exakt die gleichen Randbedingungen haben. Die durch Drosten et al. unterlassene Erstellung einer solchen SOP ist als grob fahrlässig zu bezeichnen.

Den Labors steht es somit frei, den Test so durchzuführen, wie sie es für angemessen halten, was zu einer enormen Variationsbreite führt. Die Laboratorien in ganz Europa, ja – aufgrund der WHO-Empfehlung des Drosten-Tests: auf der ganzen Welt - stehen vor einer Menge Fragen. Welche Primer sollen sie bestellen? Welche Nukleotide sollen sie an den undefinierten Stellen eintragen? Welchen Tm-Wert sollen sie wählen? Wie viele PCR-Zyklen sollen sie durchführen? Und bei welchem Ct-Wert ist die Probe positiv? Und bei welchem Ct-Wert ist sie negativ? Und wie viele Gene sollen sie testen? Sollen alle Gene getestet werden? Oder nur das E und das RpRd-Gen, wie in Tabelle 2 des Drosten-Corman-Papers gezeigt? Oder auch das N-Gen? Und was ist ihre Negativkontrolle? Was ist ihre Positivkontrolle? **Das Drosten-Corman-Paper ist so vage und fehlerhaft aufgebaut, dass man in Dutzende verschiedene Richtungen gehen kann. Nichts ist standardisiert, es gibt keine SOP, alles bleibt ein Rätsel. Es handelt sich bei dem Inhalt dieses Papiers um außerordentlich schlechte Wissenschaft.**

ii. Folgen der oben beschriebenen schwere Mängel des Drosten-Tests

Der im Drosten-Corman-Paper beschriebene RT-PCR-Test enthält so viele molekularbiologische Designfehler (siehe oben), dass es nicht möglich ist, ihn zu validieren und eindeutige Ergebnisse zu erhalten. Es ist unvermeidlich, dass dieser Test eine enorme Anzahl so genannter "falsch-positiver Ergebnisse" erzeugt. Die Definition von "falsch-positiv" ist eine negative Probe, die zunächst ein positives Ergebnis erzielt, aber nach erneuter Prüfung mit demselben Test negativ ist. Falsch-positiv sind fehlerhaft positive Testergebnisse, d.h. negative Proben, die positiv getestet werden. Und genau das findet sich in der Tat in der Drosten-Corman-Arbeit. Auf Seite 6 des Manuskript-PDFs zeigen die Autoren, dass selbst unter gut kontrollierten Laborbedingungen ein beträchtlicher Prozentsatz falsch positiver Ergebnisse mit diesem Test erzeugt wird:

> *"Bei vier einzelnen Testreaktionen wurde eine schwache anfängliche Reaktivität festgestellt, die jedoch bei erneuten Tests mit demselben Assay negativ war. Diese Signale waren nicht mit einem bestimmten Virus assoziiert, und für jedes Virus, bei dem eine anfänglich positive Reaktivität auftrat, gab es andere Proben, die dasselbe Virus in einer höheren Konzentration enthielten, aber nicht positiv getestet wurden. Angesichts der Ergebnisse der oben beschriebenen umfassenden technischen Qualifikation wurde der Schluss gezogen, dass diese anfängliche Reaktivität nicht auf die chemische Instabilität der Real-Time-PCR- Detection Probes und höchstwahrscheinlich auf Probleme bei der Handhabung zurückzuführen war, die durch die rasche Einführung neuer diagnostischer Tests und Kontrollen während dieser Auswertung verursacht wurden studieren".* [1]

Der erste Satz dieses Auszuges ist ein klarer Beweis dafür, dass der im Drosten-Corman-Paper beschriebene PCR-Test falsch positive Ergebnisse erzeugt. Selbst unter den gut kontrollierten Bedingungen des hochmodernen Charité-Labors sind vier von 310 Primärtests per Definition falsch positiv. Vier negative Proben wurden zunächst positiv getestet und waren dann bei einem erneuten Test negativ. Dies ist das klassische Beispiel für ein falsch-positives Ergebnis.

Eine weitere für die Gesamtbetrachtung des Papiers aufschlußreiche erzählerische Beobachtung im obigen Auszug ist, dass die Autoren die falsch-positiven Ergebnisse als "*Umgang mit Problemen, die durch die rasche Einführung neuer diagnostischer Tests verursacht werden*", wegerklären.

jj. Das Drosten-Corman-Paper wurde offensichtlich nicht von Fachkollegen begutachtet

Vor der formellen Veröffentlichung in einer wissenschaftlichen Zeitschrift werden wissenschaftliche und medizinische Artikel traditionell durch "Peer Review" zertifiziert. Dabei lassen sich die Herausgeber der Zeitschrift von verschiedenen Experten - sogenannten "Gutachtern" - beraten, die das Paper bewertet haben und möglicherweise Schwachstellen in den Annahmen, Methoden und Schlussfolgerungen erkennen. In der Regel veröffentlicht eine Zeitschrift einen Artikel erst dann, wenn sich die Herausgeber davon überzeugt haben, dass die Autoren auf die Bedenken der Gutachter eingegangen sind und dass die vorgelegten Daten die in dem Paper gezogenen Schlussfolgerungen unterstützen.

Das Drosten-Corman-Paper wurde am 21. Januar 2020 bei Eurosurveillance eingereicht und am 22. Januar 2020 zur Veröffentlichung angenommen. Am 23. Januar war das Paper online. Am 17. Januar wurden alle wesentlichen Informationen und das Protokoll des Manuskripts bei der WHO veröffentlicht. Darüber hinaus wurde das Drosten-Corman-Paper am 21. Januar 2020 von der WHO empfohlen (noch bevor es veröffentlicht wurde!). Es liegt damit auf der Hand das kein Peer-Review-Verfahren durchgeführt wurde. Normalerweise ist das Peer-Review-Verfahren ein zeitaufwändiger Prozess, da mindestens zwei Experten aus der Praxis das eingereichte Paper kritisch lesen und kommentieren müssen. Vierundzwanzig Stunden reichen einfach nicht aus, um ein gründliches Peer-Review durchzuführen. Jeder Molekularbiologe, der mit dem RT-PCR-Design vertraut ist, hätte die schwerwiegenden Fehler im Drosten-Corman-Paper beim Review-Prozess beobachtet.

kk. Interessenkonflikte

Es stellt sich heraus, dass zwei Autoren des Drosten-Corman-Papers, Christian Drosten und Chantal Reusken, auch Mitglieder des Editorial Board dieser Zeitschrift sind [7]. Es besteht also ein schwerer Interessenkonflikt, der den Verdacht verstärkt, dass das Paper nicht von Fachkollegen begutachtet wurde.

ll. Zusammenfassung

Das Drosten-Corman-Paper enthält die folgenden spezifischen Fehler:

- Es gibt keinen spezifizierten Grund, diese extrem hohen Konzentrationen von Primern in diesem Protokoll zu verwenden. Die beschriebene Konzentration führt zu erhöhter unspezifischer Bindung und PCR-Produktamplifikation, wodurch der Test als spezifisches Diagnostikum ungeeignet ist;

- Sechs nicht spezifizierte wackelige Positionen führen zu einer enormen Variabilität des Testdesigns pro Labor; die verwirrende unspezifische Beschreibung im Drosten-Corman-Paper eignet sich nicht als operatives Standardprotokoll;

- Der Test kann nicht zwischen dem gesamten Virus und viralen Fragmenten unterscheiden. Daher kann der Test nicht als Diagnostikum für intakte (infektiöse) Viren verwendet werden;

- eine Differenz von 10° C w.r.t. der Glühtemperatur Tm für Primerpaar1 (RdRp_SARSr_F und RdRp_SARSr_R) ist ein sehr schwerer Fehler und macht das Protokoll als spezifisches Diagnosewerkzeug unbrauchbar;

- Ein großer Fehler ist die Auslassung der Ct-Wertes, die zu bestimmen haben, wenn eine Probe als positiv und negativ betrachtet wird. Dieser Ct-Wert findet sich auch nicht in zusätzlichen Einreichungen und offiziellen Veröffentlichungen/Nachträgen;

- die PCR-Produkte sind nicht auf molekularer Ebene validiert worden, was das Protokoll als spezifisches, die Diagnostik unter Werkzeug nutzlos macht;

- Der PCR-Test enthält weder eine einzige Positivkontrolle zum Nachweis der Spezifität für SARS-CoV-2 noch eine Negativkontrolle zum Ausschluss anderer Coronaviren, was den Test für eine spezifische Diagnose ungeeignet macht;

- Höchstwahrscheinlich wurde das Drosten-Corman-Paper nicht von Fachkollegen begutachtet;

- Für mindestens vier Autoren bestehen schwerwiegende Interessenskonflikte, zusätzlich zu der Tatsache, dass zwei der Autoren des Drosten-Corman-Papers (Christian Drosten und Chantal Reusken) auch im Editorial Board von Eurosurveillance sitzen; am 29. Juli 2020 kam ein Interessenskonflikt hinzu (Olfert Landt ist CEO von TIB-Molbiol; Marco Kaiser ist Senior Researcher bei GenExpress und fungiert als wissenschaftlicher Berater für TIB-Molbiol), der in der ursprünglichen Version nicht deklariert wurde (und in der PubMed-Version immer noch fehlt). TIB-Molbiol ist die Firma, die "als erste" PCR-Kits (Light Mix) auf der Grundlage des im Drosten-Corman-Manuskript publizierten Protokolls herstellte und diese PCR-Testkits aufgrund ihrer eigenen Worte vor der Einreichung der Publikation weltweit verteilte. Weiterhin versäumten Victor Corman & Christian Drosten, ihre zweite Zugehörigkeit zu erwähnen: das kommerzielle Testlabor "Labor Berlin", wo sie für die Virusdiagnostik zuständig sind.

mm. Literaturhinweise

[1] "*Detection of 2019 novel coronavirus (2019-nCoV) by real-time RT-PCR*", Euro Surveillance, 2020; Band 25, 3. Ausgabe (Euro Surveillance 2020;25[3]:pii=2000045)

https://www.eurosurveillance.org/]content/10.2807/1560-7917.ES.2020.25.3.2000045

[2] Tom Jefferson, Elizabeth Spencer, Jon Brassey, Carl Heneghan Virenkulturen zur Beurteilung der Infektiosität von COVID-19. Systematische Überprüfung.

doi: https://doi.org/10.1101/2020.08.04.20167932

https://www.medrxiv.org/content/10.1101/2020.08.04.20167932v4

Raoul-Brief (Zitat folgt)

[3] Marra MA, Steven JMJ, Caroline RA, Robert AH, Angela BW et al. (2003) Wissenschaft. Die Genomsequenz des SARS-assoziierten Coronavirus. Wissenschaft 300(5624): 1399-1404.

[4] Sequenz kann hier gefunden werden: https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/MN908947

[5] Borger P. Ein SARS-ähnliches Coronavirus wurde erwartet, aber es wurde nichts unternommen, um darauf vorbereitet zu sein. Am J Biomed Sci Res 2020. https://biomedgrid.com/pdf/AJBSR.MS.ID.001312.pdf

https://www.researchgate.net/publication/341120750_A_SARS-like_Coronavirus_was_Expected_but_nothing_was_done_to_be_Prepared

[7] https://www.eurosurveillance.org/upload/site-assets/imgs/2020-09-Editorial%20Vorstand%20PDF.pdf

[8] Offizielle WHO-Empfehlung für das Corman / Drosten RT-qPCR-Protokoll, das sich direkt aus der Eurosurveillance-Publikation ableitet:
https://www.who.int/docs/default-source/coronaviruse/protocol-v2-1.pdf?sfvrsn=a9ef618c_2

[9] Primer-BLAST, NCBI - National Center for Biotechnology Information:
https://www.ncbi.nlm.nih.gov/tools/primer-blast/

[10] Trestan Pillonel *et al.*, Brief an den Herausgeber: SARS-CoV-2-Nachweis mittels Echtzeit-RT-PCR
https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC7268274/

[11] Kim *et al,* Die Architektur des SARS-CoV-2 Transkriptoms
https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0092867420304062

[12] Wolfel *et al,* Virologische Beurteilung von hospitalisierten Patienten mit COVID-2019
https://www.nature.com/articles/s41586-020-2196-x

8. Ct-Zyklen

Das Tribunal da Relação de Lisboa ist ein portugiesisches Berufungsgericht (Äquivalent eines Oberverwaltungsgerichts) mit Sitz in Lissabon, dass als am 11.11.20202 seine Entscheidung (Aktenzeichen 1783 / 20.7T8PDL.L1-3) über ein erstinstanzliche Urteil verkündete und darin feststellte, daß PCR-Tests keinerlei Grundlage für die Feststellung von Infektionen und daran anschließende Freiheitsentziehungen (habeas corpus) sein können (s.o., Anlagen K 8 a und b).

B. Rechtslage betreffend Widerruf, Feststellungsantrag und Geldentschädigung

Die Äußerungen der Beklagten sind (vorsätzlich) falsch und verletzen die Ehre und die Kreditwürdigkeit des Klägers. Sie sind rechtswidrig und daher zu unterlassen. Sie dienen ausschließlich dazu, den Kläger in der öffentlichen Meinung herabzusetzen. Solche Äußerungen sind nicht vom Grundrecht auf Meinungsäußerungsfreiheit und der Pressefreiheit gedeckt. Sie erfolgen hier ausschließlich zur Persönlichkeitsdiskreditierung. Ein sachlicher Bezugspunkt für diese Äußerung fehlt.

Dem Kläger steht ein Anspruch auf Widerruf zu, da es sich bei den im Klageantrag zu 1 und im Klageantrag zu 2 genannten Tatsachenbehauptungen nachweislich um unwahre Aussagen handelt. Hilfsweise beantragen wir eine Richtigstellung. Der Widerruf ist erforderlich, um die nachhaltige Rufschädigung des Klägers auszugleichen und zu beseitigen.

Dem Kläger entsteht weiterhin fortlaufend ein materieller Schaden aus diesem Artikel

Der Kläger hat weiterhin einen Anspruch auf Leistung einer Geldentschädigung. Insbesondere die Bezeichnung als „Lügner“ und „Klimaleugner“ stellen eine – weitere - schwerwiegende Persönlichkeitsverletzung dar.

Dr. Reiner Fuellmich, LL.M.
Rechtsanwalt